

	TCTTTTTTAAA AGGTACTAAT ATTTCTTTAG TGAAAATTGA ATCACGGTCG TTTATTGGTG	120
	CCTTGAGTAT ATTATTATAG ACGGAATCTG ATCTAATAAT ATTGATTTTA TACATGATAA	180
5	ACCTCCTTAT GTTGTCAGCA TAAAGGATAA CGTAACGTGA TTTTCAAGCA GTAATTGTAA	240
	CTAATTGAmA AAAATTAAGA AAAGTATGTG AGTGTTCCTA AwTAATATGa TTAAAAATGAT	300
	GGCGAATAAG TGTCTaAAAG CATCTTAAAG GGACATTGTA TAGGGTAAAT CACTTCATAA	360
10	ATAAGGGaAA ATCCTTATGT TCACTTTTTC ACAATCATna TAAAATATAT ATGTAGTCAA	420
	TACTTTGTCT ATATTGAATG TTTTCATATA AATGAAAGCA TTTTAAATA ACATTGACCT	480
15	CTAATATATA GGCAGAGTAT TGATATCTAT TAAAAATAA ATGATTTTGA TGAAGGTGAA	540
	ACGTATGTAC AAAACAAAAG GTGGCTTTCA ACTTACATTA CAAACATTAA GTTTAGTGGT	600
	TGGGTTTATG GCTTGGAGTA TAATTGCGCC ATTAATGCCC TTTATTAAAC AAGATGTCAA	660
20	TGTTACTGAA GGTCAAATAT CAATCATTTT AGCGATACCA GTTATTTTGG GATCGGTGCT	720
	CCGTGTGCCA TTTGGTTATT TAACAAACAT TGTGGCGCT AAATGGGTAT TCTTTACTAG	780
	TTTTATCGTA TTGTTATTCC CGATATTTTT CTTAAGCCAA GCACAAACAC CGGGTATGTT	840
25	AATGGCTTCA GGATTTTTTC TTGGTGTAGG TGGTGCAATT TTCTCAGTTG GTGTTACATC	900
	AGTTCCTAAA TATTTCCCTA AAGAAAAAGT AGGTCTAGCA AATGGTATTT ATGGTATGGG	960
	AAATATCGGT ACAGCAGTTT CTTCATTTTT AGCACCACCG ATAGCGGGTA TTATTGGTTG	1020
30	GCAAACAACA GTTAGAAGTT ACTTAATTAT TATCGCTTTA TTTGCATTAA TTATGTTTAT	1080
	TTTTGGTGAC ACACAAGAAC GTAAAATTAA AGTACCATTA ATGGCTCAAA TGAAAmCATT	1140
35	ATCTAAAAAC TACAAATTAT ATTACTTAAG TTATTGGTAT TTTATTACTT TTGGTGCTTT	1200
	TGTAGCATTT GGTATTTTCT TACCTAACTA CTTAGTAAAT CATTTTGGAA TTGACAAAGT	1260
	AGATGCTGGT ATTCGATCAG GTGTATTCAT TGGCTGGCA ACATTCTTAA GACCAATAGG	1320
40	TGGCATTTTA GGTGATAAAT TTAATGCAGT TAAAGTATTG ATGATTGATT TTGTTGTTAT	1380
	GATTATCGGT GCCATTATTT TAGGTATTTT AGACCATATC GCATTATTCA CTGTAGGCTG	1440
	TTTAACAATA AGTATTTGTG CAGGTATTGG TAACGGCTTA ATCTTCAAAT TAGTACCATC	1500
45	ATACTTCTTA AATGAAGCGG GATCCGCAAA TGGTATCGTA TCAATGATGG GTGGTTTAGG	1560
	AGGATTCTTC CCACCACTAG TAATCACGTA CGTAGCTAAT TTAACAGGAT CAAGTCATTT	1620
	AGCATTTATT TTCTTAGCGG TATTnGGAnG TATTGCATTA TTTACCATGC GTCATTTATA	1680
50	CCAAAAAGAA TATGGCTCAT TGAAaAACGG TTGATATGTA ATACATGCCA TTcATTTAGT	1740
	TAAATACAAA GCCTTaATAT CATGCGCAAT ATTCGTAGCA TGACATTAAG GCTTTAGTAG	1800

55

CTTGGTTTGA TTTTAGGCAA GGTAAATGGTT AATAACCCAT TTTCAAACT AGCAGTAATA 1920  
 TGTGCTTAT CAACAGCTTC AAAATCAAAT TGACGCATTA ATGATTGAA GTTACGCTCA 1980  
 5 TCTAAAATGA GTTGTTCAGA TTTGTATTTT GCGCTTCTAG TAGCTTGAAT AGTGAGCGWA 2040  
 TTAttATTGA AATCgATACT AATAtCTccc TG 2072

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 231:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 231:

CGTCTTCTCT TGGTTATTCT CTGTGTTTTG TCTTTGTTCA AATTCGATTT TTTGTTGTTT 60  
 GAATGAATGT AATACTTTAT TTTTTTTTGG CACATAATCC AAGTnATTTT TAGGAATTAA 120  
 TATACGGTCT TTAAATGCTT CTTGTATTTT GCTCACAATC AATTGGTATA GTTGCTCTTC 180  
 25 TTTTGATAAA CGCACTTCTA GTTTTGTGG ATGAACATTT ACGTCTACTA AGATTGGATC 240  
 CATTTCAATA TTAATATAAC AAATCGGGAA CCTACCTATT GTTAAGAGTG TATGATAGCC 300  
 TTCTAAAATC GCITTATTTA GCATAAAGTT TTTAATGTAT CGTCCATTAA TAAAAATAGA 360  
 30 AATATAGTGC TTATTACTTC TAGAATGTTT AGGCTTTGCA ACAAACCTT CAATGTGATA 420  
 ATCACTTGTA TCTCCAGATA TATGTACTAA ATCTCGTGCA ACTTTCATCC CATAAATCTC 480  
 35 TGCCATCACT TCATTAGTTC GTCCTGAACC ATTTGTACTT AACATTGTTT TGCCATCTGA 540  
 AATGAGTGCT ATTCGAATGT CCGGATGGCT CATTGCCATT CTGTTGACAA TATCTGTTAT 600  
 TTTACCTAGT TCAGTGTATA AACTTTTAAT ATATTTTAAA CGTGCTGGTG TATTATAAAA 660  
 40 TAATGATTCT ACAAGTATAT CTGTTCCTTT TTTGCTTTT GCAGGCTTAT GATTTAATAT 720  
 TTCACCATTT TCTACATATA TTTCAATTCC ATTAGCATTA TCCGTGCAAG TCTTCAATGT 780  
 TACTTTAGCA ACTGATGAAA TACTGGCTAG TGCTTCACCA CGGAATCCTA ATGTCCTAAT 840  
 45 ATGAAATAAA TCTTCATCTT GATCTAATTT ACTAGTCGCA TGTCTATGAA ATACTAATCC 900  
 TAAGTCTTCC GCTTCAATTC CGCTTCCATT ATCGACTACG CGAATAGATT GGACGCCAGA 960  
 tTCCTCTACT TCAATGCTTA TTTCTGTAGC GCCTGCATCT ATAGCATTTT CCAACAGTTC 1020  
 50 TTTACAACA GAACTCGGTC TTTCAACTAC TTCACCTGCT GCGATTTTAT TTGCTAATGA 1080  
 GGTTTGGAGT TCTTTAATTT TCCCCATTTT GCAACACCTC TATTTTAATT GATTTTGTAA 1140



## EP 0 786 519 A2

	TTGTAGTTCA ATCTCGCTTT TTTGATCATT TTCAAACAAA TCAAATGATG CytGTTCAAA	1260
	GTCTTTTTGA GATAAAGTAT CaGTTGTTTC TTCaACACTT aAGTTTAAAT TTTCTTGATT	1320
5	AATTTCCAGG TTCATTTTCG ACCATTTTTA AATTTGATAT CGATGATcTT TCACCAGCAG	1380
	ACGCTTCAAA CTCGCTTAGA ATCACTTG TG CTCTGCTAAT AACTTTTTCA GGTAAATCAG	1440
10	CTAATTTGCG AACTTGAATA CCATAAtATC GTCAACTGCA CCATCTTTGA CTTTATGCAA	1500
	GAATATAAGT TCACCTTTAT ATTCATTAGC AGCGACGTGA ACATTTTTTA GACTTGGTAA	1560
	TGCTTGATCT AATGTTGTCA ATTCATGATA ATGTGTTGAA AATAACGTTT TAGCATGTGA	1620
15	TGTTTCAGCT ACATACTCTA TCATTGCCTG CGCTAAAGCT AAACCGTCAT ACGTTGAAGT	1680
	ACCACGTCCA ATTTCATCGA AAATAATCAA ACTATCCTCT GTTGCCATAAG TTAATGCCTT	1740
	TTGTGCTTCT AGCATTTCCTA CCATAAACGT ACTCTTACCT GAAACCAAAT CATCTGCCGC	1800
20	ACCTATTCTA GTGAATATTT GATCAAATAT AGGTAACACT GCCTCTTTAC AAGGGACATA	1860
	AGCTCCCAT TGGGCCATTA TACTAATTAT GGCAACTTGT CTCATATATG TCGATTTACC	1920
	AGACATATTC GGACCTGTAA TTAAATATAT AAATGTTTCA TTATCTAATC GACAATTATT	1980
25	AGGCACATAG TCATTATAAT CCATTACTCT TTCCACTACT GGGTGCCTAG ATTCCACTAA	2040
	TTCTAATGTT TTATTTTCAC TAAATGAAGG CCTAGTGTA TATATTTTT GAGCAATTTT	2100
30	TGCAAAGCTC TGTAACAAT CTAGCTCTGA AATAATTTTA GCTTGTTGTT GTAAACGTTT	2160
	AGTATATTTT TTAACCTCTT CACGTAGCTG AACAAATAAT TGATATTCTA ATTCGATGGC	2220
	TTTGCTTCC GCACCTAAAA TGATATCTTC TTTTCTTTA AGTTCATCAG TTATAAACG	2280
35	TTGAGCATTC GATAACGTTT GCTTCCTCAT ATAACCAAAT TCATTGGTT CAAAATTTTG	2340
	CAAGTTGGCA CGTGTTATTT CTATAAAATA ACCAAACACT TTATTAAAGC TTATTTTCAA	2400
	TGATTTTATT CCTGTACGTT GTCTTTCTTT GGCTTGTAAT TCTGCTAACC ATGTTTTTCC	2460
40	GTTTTTTGAA GCTTCAAGAT ATTCATCTAA TTGCGTATTA AAACCAACTT TGAATAGTCC	2520
	GCCATCTTTA ACTGAAATTG GTGGTTCTTC TACTAAACTC TGTCTAATA TATCAAGTAA	2580
	ATCATCaAGG GGTTCTAGTT GATTAACTTG TACAAGAGTA TTCTGATTCA TAGAATTTAG	2640
45	TAATGCTTTA ATATTCCGTA TTTCAGAAAT GGAATGTTTA AGTTGAATTA AATCTCTCGC	2700
	ATTAACATTT CCGTAACTAA CACGCCCAAC AAGACGTTCA ATATCATACA CTTGATTAA	2760
	ATATGTTCTT AAGGTGTCTC TTTCTATGAA ATGAGCACTA AATTCATCAA CGATATCTAA	2820
50	TCGTGCTTCA ATTTGTTCTT TACTTATTAG TGGTCTATCT ATCCATTGTT TTAAGCGGCG	2880
	TGCTCCCAT GGTGTTTTCG TTTTCGTCCAT TAGCCAAAGT AGCGTTCCTT TTTTGTATT	2940

55

ATCTATAGCT GCATATTGAA CAACATCCTC GATATGCGAT AAATCACGTT TTTGTGTATG 3060  
 ATGAATATAA TCTAGCAATA ATTGTGTCGC TTGATACaTT AATTTATGTT CAGTTTGATT 3120  
 5 CACACTATAG ATTtCTGATG ATAACGTTTC CCTGACTGT 3159

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 232:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 10 (A) LENGTH: 1238 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 232:

15 TAAGCGAGAA GCAATTGGTG TTATGTATGC TAGTGATAAA CCAACAGGTG AAAGTACAAG 60  
 20 GTCATTTGCT GTTTATTCT CTCCTGAAAT TAAGAAATTT ATTGCAGATA ATTTAGATAA 120  
 ATAAATCATC CATCCATACA TTGATAAATG ATTTTYAGAA ATTAACAACA AAATCAACAA 180  
 TTTTAAACAT CTCTGTGATT CTATTTATTC GAAATGATTT AAAAAATAAA ACTTCAAAAA 240  
 25 CCTAACCTTA TATTATACG AATACTTAGA GGAGCACAAA AATGAATAAA AATATAATCA 300  
 TCAAAAGTAT TGCAGCATTG ACGATTTTAA CATCAGTGAC TGGCGTCGGC ACAACAGTGG 360  
 TTGAGGGTAT TCAACAAACG GCTAAAGCTG AACATAATGT GAAACTAATC AAAAACTA 420  
 30 ATGTAGCACC ATACAATGGT GTCGTTTCGA TAGGATCTGG AACAGGTTTC ATTGTCGGTA 480  
 AAAATACAAT TGTTACCAAC AAGCATGTCG TTGCAGGTAT GGAAATTGGT GCACATATTA 540  
 TAGCGCATCC CAATGGTGAA TATAATAATG GCGGATTTTA TAAAGTTAAA AAAATTGTCC 600  
 35 GTTATTCAGG TCAAGAAGAT ATTGCCATTG TACATGTGGA AGATAAAGCT GTTCATCCAA 660  
 AAAACAGGAA TTTTAAAGAT TACACAGGCA TTTTAAAAAT AGCATCAGAA GCTAAAGAAA 720  
 40 ATGAACGCAT TTCAATTGTT GGCTATCCAG AACCATATAT AAATAAATTT CAAATGTATG 780  
 AGTCAACAGG AAAAGTGCTG TCAGTTAAAG GCAACATGAT TATTACTGAT GCTTTCGTAG 840  
 AACCAGGCAA CTCAGGTTCA GCTGTATTTA ACAGTAAATA CGAAgTtGTA GGTGTTCACT 900  
 45 TTGGTGGAAG CGGCCCTGGA AATAAAAGTA CAAAAGGATA TGGTGTTTAT TTCTCTCCTG 960  
 AAATTAAGAA ATTCATTGCA GATAACACAG ATAAATAAAT CCTTACATAG ATAAATGATT 1020  
 TTAAAAATTA ACAACAAACT CAACaATTCA AATCATCTCT GTGATTCCAT TTATTCGAAA 1080  
 50 TGATTAAAAA AAATAAAACT TCAAAAAGCT AACATTATAA TTATACAAAT ACTTAGAGGA 1140  
 GCAGAAAAAT GaATAAAAAT ATAATCATCA AAAGTATTGC AGCATTGGAC GATTTTTAAC 1200

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 233:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6444 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 233:

	TGATAAGTCA TTTAAATTGT CACCTATTGA CATGACTTCT TTCATTTCAA TCCCTAATCT	60
15	TTCGGCAATT GTTCTAGCG CAATACCTTT TTGTGCATCT GAATGCGTTA TTTCTATATT	120
	TCCTCTCGAA GATGATGATA TAGCTAAATT CGGAGAKTCA GCTAAAATTT TACTAGCTTT	180
	GTCAATTTTT TCTAAATTC CATCAAATGC TAATATTTTC ATAATTAATT CACCAGGTAT	240
20	GTTTTCAATA GCATCATAAT TATCAACAAC TyTCAACGTA CCATTATCTA TCGGTCTTTG	300
	AATACCATT TTAATACGCT CAACGTTTGC ATGTTGACCT GCACGCTCAG CAATATCTAT	360
	GTAATGTCT AAATCTCTTT GTGGATCTTC AGTATAAATC GCACGACTCG TGTATACTTG	420
25	ATAATAAATA CCTGCATCTT TAAAACATT TGTAATTTTG TGTACTAACG ATTTATTAAG	480
	GTGTGAAGTG CTCATTACAT TGAAAGTTTC ATCACGTACT TCAGCACCAT TCAAACAAAT	540
30	ATATGGTACT GTTAAATCTG TGTCAGCAAC TGGTGCTTGk GCTTCATAAA ATGCTCGACC	600
	TGTCGCGATA ACAACCGTTA TCCCTTGTTT TTGAGCGTAT TTAATCGCAT CAATATTAGG	660
	TTGAGAAATT TCATGTGCTG CATTAAAGTAG CGTGCCATCC ATATCAGTGG CTATTAGTTT	720
35	TATCATTATG TnACCTCGTT TCGTAAATnT AAAATCTTGT TCTTAAATAA GrATATATAC	780
	TCAGCGCACA TACTTTtCTA TTAmCATTTA TATkGTCATT aATTTATCAT ATAATGTAAT	840
	TCTaACAAAT nTTAAAtAGT ATGTACTATC GTCTAATTGG TGGATTTCTT ATTGGCTCTT	900
40	AAgTTTTTAA AAAATGTTGT TAATAATGTG CTACATGCTT CTTTAAGTAC ACCTTTATCA	960
	ACAATTGCAC GATGATTAAA ATTAGATTGT TGCAATAAAT TCATTAAACT GCcACTACAA	1020
45	CCACCTTTAG GATCATCTGC GCCATAGACG ACTCTTGGA TGC GACTCAT TACAATTGTT	1080
	CCTGCGCACA TGACACATGG TTCTAAGGTT ACATATAATG TGCAACCTTC TAAACGCCAA	1140
	CTACCTAACA CTTTGGCTGC ACGTTCAATT GCAATATGTT CAGCATGCGC CGTTGGTTGT	1200
50	TGTAGTGTTC CTCTTaAAT ATGTGCTCTA GCGATAACTT CATCATCTTT AGTGATGATA	1260
	GCACCTATAG GTACTTCGCC TAGTTGAGCT GCTTTTTTAG CTTCTTCAAT CGCTAATGTC	1320
55	ATAAAATATA TATCATTGTG CATTTATGTC CAGATACCTC ACTTATGGTA CAATACTCAA	1380

	CTATTGGCGT AGGTAAATCT TCACTTGCAC ACAAATTAAG TCAAACCTTA GATTTTTATG	1500
	AAGAAAAAGA AATCATCACA GAAATCCAT TTTTATCAGA CTTTTATGAA GATATCTCTA	1560
5	AATGGAGTTT TCAAACGAA ATGTTCTTTT TATGCAATAG ATATAAGCAA TTTCAAGATG	1620
	TAACACAACCT AAATCAAGGT GTAGTTAGTG ATTATCATAT ACATAAAAAT AAGATATTTG	1680
	CTAAAAATAC TTTGAGTTCT GTTGAATTC AGAAATTCAG TAAAATTTAT GATATTTTAA	1740
10	CTGAAGATAT GATTATGCCG AATATGATTA TCTTTTTAGA TGCAGACCTT GATGTGTTAA	1800
	AATCTAGAAT TGCTAAACGT AACCGTAGTT TTGAGCATCA AATAGAAgTG AtAcTGTAg	1860
15	TTAAAAAAG ATTATCGTGA GTATTATGAG TCCTTACAAA GTAATGGTTC AAATGTAGTT	1920
	TTAATCGATA CnACTTCTAT TGATTTTCTT AAAAATGAAC AAGATTACGA AGATATATTA	1980
	CATATTATAT TACCTATGAT AGGAGATATT ACCAATGAAT AATTACGGTA TTCCACAAAA	2040
20	TGCCATTATA ACCATTGCAG GTACAGTTGG TGTTGGAAAA TCAACACTAA sGCAAGCACT	2100
	TGCAGATAAA TTAACTTTA AAACGTCTTT TGAAAATGTC GAACATAATC CATATTTAGA	2160
	TAAATTTTAC AGCGATTTTG AACGATGGAG TTTCCATTG CAAATTTACT TCTTAGCTGA	2220
25	ACGTTTTAAA GAACAAAAGC GTATGTTTGA ATATGGTGGT GGCTTTGTCC AAGATCGATC	2280
	AATTTATGAA GATGTTGATA TTTTTCGAAA AATGCATGAA GAAGAAGGCA CAATGAGTAA	2340
	AGAAGATTTT AAAACATATT CAGACTTATT TAATGCCATG GTCATGACAC CTTATTTTCC	2400
30	TAAACCTGAT GTAATGATTT ATTTAgAATG TAACTATGAT GAGGTCATTG ATCGTATTAT	2460
	TGAACGTGGT CGCGAAATGG AAATTAATAC AGACCCTGAA TACTGGAAAA AGCTATTTAA	2520
35	ACGCTATGAC GATTGGATTA ATAGCTTTAA TGCATGTCCA GTTGTACGTA TCAATATTAA	2580
	TGAATATGAT ATCCATAAGG ACCCCGAATC TTTAAATCCT ATGATAAACA AAATTGCTCG	2640
	AATTATTCAA ACATATCGAC AAGTAGATAC ACGATAAAAG ACTAAAGACA TAGCGTATAT	2700
40	GTTTATATTC AATGTATATT CCATAGATAT TATCGATTAT TTTATCAATT CTATCGAATA	2760
	CATTAATTCA CATATACACT ATGTCTTCT TTTTAATTA AAGCTTCTAA AATATCTGCC	2820
	GCACTATTTA AAATAATATC AGCTTCATGT AATTCTTCTT TTGTTGCAAT ACCTGTTAAT	2880
45	ACACCTATTG CCATACCTAA ATTTGCATTA CTTGCTGTCT TCATATCATT AGCAGTGTCT	2940
	CCTACTATAG CTACTTTCTG AGGATCTACA TTATATTGCT CAAATAAAGG CGATAATACT	3000
	TTAGGATTTG GCTTCTCATA GGCATCCGCT TCGGTAGAAA TGATCAAATC GAACAACGAG	3060
50	GTAGCATTGG TATGTGCTAA AAATTGTTCT ACACCTTTTT TAGTATCACT CGTAACAATA	3120
	CCAAGTTGAT AGCCTTTTGC TTTCAAATCG ATAAGTGCTT CTTTAACACC TTCTACCCAA	3180

55

	GTATCTTGTC CCGTCACATC ATTAAATGCC TGGATAATTT GTTGTAAGA TCCTGAACCC	3300
	ATCACTGATT TTGGATCAAT AGATTCTTTA ATGACACCGA GTTGTCTTAA AGCAGCTTCT	3360
5	TTATTATGTA CTGGGAAAGT CTCAGCAAT GATTGTACAA ATCGTACCCC TATTTTTTCC	3420
	CAACTTCTAT CAAATTCAAT TAACGTACCA TCTTTATCAA ATAATATCCA TTCCATTGaT	3480
10	ATCAATACTC CTATTTATTT ATTTTCGTATT ATGCTGATTC TATGATATTC GTTATCCCCT	3540
	GAAAATGAAC TCGTAGTATT GTTCTATTTA AATATTGaAT TAAATATAAT AATAAGTGAA	3600
	ATCCCCTTCA ATACTTAACA ATAAACATTG TAACTTAAT TTATTACCAT GCTTCGCTTC	3660
15	ATTGAAAGGG ATTTTAGTCA TGATTAACCT TTGCATATTG TTTTCATGAT TATATTCAAT	3720
	TTTTATTAAT ATTTTGGTAC AACGACTCTC CAACCATTTT TATCTTCTAA AGTACCATTT	3780
	TGAATACCAG TATAGACGTC GTATAATTTT TGAGTAATTT CACCAGTCTC ATTATTATTA	3840
20	ATAACGATTT CACGATCTTC GTATCTCAAT GTACCCACAG GTGAAATAAC TGCTGCAGTA	3900
	CCACTACCAA ATACTTCTGT TAACTCACCT TTATCATATG ATTGGAATAA TTCATCGATT	3960
	GAAACGCGGC GCTCTTCGAC TTCATATCCT AAGTTTTTAG CTAATTCGAT AATAGATTTA	4020
25	CGTGTAATAC CAGGTAAAT ACTGCCATTC AACTCTGGTG TAATTACTTT GCCATTTTCA	4080
	ACGAAGAAAA TGTTCATGCT ACCAACTTCT TCGATATATT TCTGTTCAAC ACCATCAAGC	4140
30	CATAATACTT GGTCATAACC TAATTTATTT GCATTAGTTT GTGCTAATAA ACTTGcCGCA	4200
	TAGTTACCTG CAACTTTTGC AAAGCCTACA CCGCCACGaA CAGCACGCAC ATATTCATCT	4260
	TCTACATAGA TTTTAGTTGG TTTTAAAGTT TCACCACCAT AATATGCACC TGAAGGAGAT	4320
35	AAAATAATTA ATAATTATA CTGATGTGAT GCACCAACGC CAAGTGCCCC TTCTGTTGCA	4380
	AAAACAAATG GACGAATATA TAATGATTGA CCTTCCCCTT CAGGAATCCA ATCTCTTTCA	4440
	ATATCAACTA ATTGTTTTAG CCCCTCTAAC AATTCTGCTT CGTCTACTTG AGGCATTTCT	4500
40	AATCGTGCTA ACGAGTTATT AAGACGCTTA AAATTTTCTT CAGGACGGAA AAGTGCAACT	4560
	TCCCCATCTC TTTTATATGC TTTTAATCCT TCGAATACCG ATTGACCATA ATGAACACCT	4620
	TGTGCAGCAG GTGAAATTTT AATAGGACCA TAAGGTACTA TCTTCAAATC ATGCCATCCT	4680
45	TTATCTGCAT CATAATCATA ACTCAACATA TAATCAGTAA AATATTTACC AAAACCTAGT	4740
	TGAGATGTAT TTGGTTTTTG TTTTAATGTT TCTCGTCGTT CAACTTTAAC TGCTTGTGAC	4800
	ATGGTGATTG CCTCCTAATA ATATTGTATA AGAATTTGTT TAACTTAAAT TATAACAATC	4860
50	CaTATTTTGC TGTTCAACAA ATTTTCTAAA AATTCAAAT TAATTAACAG ATTTCTAGAA	4920
	AGACTATATC TTTTAGTATA AACGTATTAA TTTACAGAG ACAAGTAATC TGTGTTTTAC	4980

55

TAAGTATAAT GAATAATATT AGAATTCATG CACTAGTTTA TTAAAATAAA GAGTAATTTA 5100  
 AAATATCATT CCGTGTATTA AAGTGAATGG AAATGATTAG TTATTATTTT TAACAGTATC 5160  
 5 TTTTGTTC AATAGCTTCTA ACATTAATTT AGTCATGCTC GCTAAATCAT ATTTAGGATC 5220  
 AAATCCCCAT TCGCCACGTG AACAGCTTGT ATCAATAGAA TCCGGCCAAC TATTAGCGAT 5280  
 ACCTTGTCTA ATAGGATCAA CATCGTAATC TAATGTAAAA TTGGGATAGT ATTCTTGAAT 5340  
 10 TGCTTCTTTT ACCATCTCTG GATCAAACT CATTGCGCTC AAATTATAAC CATTCTAGT 5400  
 TTCTAATTTA GCGTCGTCTG CTTCCATAAG TTTAATAATT GCTTCAATTG CATCATCCAT 5460  
 ATACATCATA TCCATATACG TGCCTTTATC TATGAAGCTT GTATAATGAC CCTCTCTTAC 5520  
 15 TGCTTTGAAG TATATTTCAA CAGCATAGTC TGTAGTACCG CCACCTGGCT CTTTAACATG 5580  
 CGAGATTAAA CCTGGGAATC TAACACTTCT TGTATCTACA CCAAACGTT TGAAATAGTA 5640  
 20 TTGACACAAT AATTCTCCAG CTACTTTATT TACACCATAC ATTGTCGTAG GTTGCTGAAT 5700  
 CGTTACTTGT GCGGTATTAA CTTTAGGAGT TGAGTCTCCA AATGCACCAA TTGAACTTGG 5760  
 TGTGAAAAAG TGCAAATTAT AAGTTCCTGC AGCTTCTAAT GCATTCATTA ATCCACCCAT 5820  
 25 ATTTAAATCC CAAGCTAGAA TTGGATTTTT CTCAGCAGTT GCTGATAATA ATGCTGCCAT 5880  
 ATGCATTAGA CTATCCGCTT CAAAGTCCCT AACTAACTCA AACATACGGT CACGATCTGT 5940  
 TACGTCTAAG ATTTCAAATG GTCCATTTTG TACAGGTGAG TCTGCTTCAG GTTCCCTAAT 6000  
 30 ATCTGTAGCA AGAACATTAT CTGTCCCAT AATTTCTCTG CACTTAACAA CTAATTCTGT 6060  
 ACCAATTTGT CCTAATGCAC CAGTAATCAT AATTTTTTTC ATAGAAATAT CTCCTTTGtC 6120  
 TCTTCTATAT AGCTATAGTC CATCACAAGC GGaCATAATA TTCATTTTCA TAATAATTAT 6180  
 35 AATATAAAAG CGCTTTCTTG TATATATGAC ATGTACATGT TGCTGATATk TCTGTAAATG 6240  
 GAAATTCTAG TTGTATTAAAT TGATTTTAGT AATTTATAGC GTTTATTATT GCTAATTACT 6300  
 40 GtCAAATTAA ATTTTTTATC CCTCAACTCT TAAACTCTGG ATATCTTTCA TTATATTAGC 6360  
 TTTTTTATAA CCATGGATAT CATGTAAAGC CTTATAAGCh TTAAATAATG TTTCATACCT 6420  
 TTGTACTTnT TCCGCTTCTG GATT 6444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 234:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4721 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	GCCCATGAGA CAATTTTACT TGCTTTTCCC ATTGGTTATC ACGTTCTTAT TACATAGATT	60
	TAAACCGAGA AATATTATTC AAACGCTATT TATTGTATCG TTGATTTCTT TAGGACTTAT	120
5	GATAGTGATT CATTTTCATCA CTGGAGATAA TTCACGTGTG TATTTTGGGA CAGATACACG	180
	ACTGCAAACT TTATTGCTTG GTTGATATATT AGCATTATT TGGCCTCCGT TTGCTTTGAA	240
	AAAAGATATT TCTAAAAAGA TTGTCGTATC ATTAGATATT ATAGGGATAT CTGGTTTTGC	300
10	GGTTCTAATG ACTTTGTTCT TTATAGTTGG AGACCAAGAT CAATGGATCT ATAATGGAGG	360
	ATTTTACATT ATATCATTTG CAACTTTATT CATTATTGCA ATTGCGGTAC ATCCTTCTAG	420
15	TTTATTTGCT AAATTTTTAA GTATGAAACC TTTACTAATT ATAGGTAAAC GATCATATAG	480
	CTTATACTTA TGGCATTATC CTATCATTGT TTTTGTGAAC AGTTATTACG TACAAGGACA	540
	AATACCGGTA TACGTTTATA TTATAGAAAT TTTGTAAACA GCGTTAATGG CTGAAATTTT	600
20	GTATCGCTTT ATTGAAACAC CTATACGTAA AAAAGGATTT AAAGCTTTTG CATTTTTACC	660
	TAAAAAGAAG GGGCAATTTG CTAGAACAGT GTTAGTTATC CTATTATTGG TTCCGTCTAT	720
	CGTTGTGCTC AGTGGACAGT TTGATGCACT TGGCAAACAA CATGAAGCCG AGAAGAAAGA	780
25	GAAGAAGACG GAATTTAAAA CAACGAAGAA AAAAGTCGTT AAAAAAGATA AGCAAGAGGA	840
	TAAGCAGACA GCGAATAGCA AAGAGGATAT TAAAAAGTCA TCACCACTAT TAATTGGTGA	900
	CTCGGTCATG GTGGATATTG GTAATGTCTT TACTAAGAAA ATACCAAATG CACAAATTGA	960
30	TGGTAAAGTT GGACGGCAAC TCGTTGATGC TACACCAATT GTGAAATCGC AATATAAAGA	1020
	CTATGCTAAA AAAGGTCAAA AAGTTGTAGT AGAGCTTGGT ACAAATGGGG CATTTACGAA	1080
35	AGATCAATTA AATGAACTAT TGGATAGTTT TGGAAAAGCA GACATATATT TAGTTTCTAT	1140
	TAGAGTACCT AGAGATTATG AAGGTAGAAT AAATAAATTA ATTTATGAGG CAGCTGAAAA	1200
	GCGCTCTAAT GTACATCTAG TCGATTGGTA TAAAGCTTCT GCAGGTCATC CGGAATACTT	1260
40	TGCATATGAC GGTATTCATC TAGAATATGC AGGTAGTAAA GCGCTGACTG ATTTGATTGT	1320
	AAAAACGATG GAAACACATG CTACAAATAA GAAATAATTT GATGCACTAA ACTTTTGAAA	1380
	TATTACATTA CTCTGATAT TTATTATCAA AAATGATGTA TTTCATTAAA AGTTTAGTGC	1440
45	TTTTTTATTT TCAAATCCCA TAGTAACGGT GCAGAAAAAG TGTGTAAAC ATTCTAATTG	1500
	GTATATTACA TTCAATGAAG CTTTATTAGG AACAGATTAC ATTATGATAA CAAAGCCCGC	1560
	AAGACACCTA ATCTCTGTTA TAGTTTGT TTGTCGCAAAA CTATAAAAGT TATAATTGTT	1620
50	TGCATACTAA AAAAATAAAA AATATAAAAT TTAAATAAT TGAGTCGCTA ATGACTATAT	1680
	GTATAGAGTG TTTTGATTAT TGGGAGGATA TTAAATTATG AAAAAAATCG TTACAGCTAC	1740

55

## EP 0 786 519 A2

	ACAAAATAAC AATGGATATA ATTCTAATGA CGCTCAATCA TACAGCTATA CGTATACAAT	1860
	TGATGCACAA GGTAATTATC ATTACACTTG GACAGGAAAT TGAATCCAA GTCAATTAAC	1920
5	GCAAAACAAC ACATACTACT ACAACAATA CAATACTTAT AGTTATAACA ATGCATCTTA	1980
	CAATACTAC TATAATCATT CATATCAATA CAATACTAT ACAAACAATA GTCAAACAGC	2040
	AACAAATAAC TATTATACTG GTGGTTCAGG TGCAAGTTAT AGCACAACAA GTAATAATGT	2100
10	TCATGTGACT ACAACTGCAG CGCCATCTTC AAATGGTCGT TCAATTTCTA ATGGTTATGC	2160
	ATCAGGAAGT AACTTATATA CTTCAGGACA ATGTACTTAT TATGTATTTG ATCGTGTGG	2220
	TGGGAAAATT GGTTCACAT GGGGTAACGC AAGTAATTGG GctAACGCAG CTGCATCATC	2280
15	TGGCTATACA GTGAACAATA CACCAAAAGT TGGTGCTATC ATGCAAACAA CACAAGGCTA	2340
	TTACGGTCAT GTTGCTTACG TTGAAGGCGT TAACAGCAAC GGTTCGTTC GTGTTTCAGA	2400
20	AATGAACTAT GGACATGGTG CTGGTGTGGT TACGTCTCGT ACAATTTTCAG CAAACCAAGC	2460
	AGGTTTCATAT AATTTTCATTC ATTAATCAAA TGTAATCAA ATGACGTCAA TATTCTCTAA	2520
	CATGAGAGTA TTGGCGTTTT TGTTTTATAT AAATATAAAT GAGAGCGGTT TATTCCTGA	2580
25	TCTTTAGGGA ACTAAGTAAT AAAGTGATAA TTTATACTAT GTCAGTATGA TTGAGAGTGA	2640
	TTCAATTTAG ATGAAAACCA TGAAAAATA TATTAAACA GCATTTTTTT GTAGTATGTA	2700
	TTGGTTAATT GTTCAACTAA ATATAGCAAA TTTAGGTACA AGAATTCCTG ATAAGTATTT	2760
30	TCGTCAGAAG TACATAATAT TTAAATCATT TAACTTTGAG AAGCATGGAA AATTTTGGA	2820
	CAAATGGTTT TACGTAAGAA AATGGAAACA TAAGATTTTA GATGGTCATC AGCTTAATCA	2880
	AAATATATAT GATCAGCGTC ATTTAATGAC AATCAATACT GATGAAATTG AAAAAATGAT	2940
35	TATAGAGACA AAGAGGGCAG AGTTGATTCA TTGGATATCG ATACTTCCAG TCATCATATT	3000
	CAATTAAGGC CCTCGTTTTAG TAAAGTATAT AAATATTTTC TATGCAATGA TAGCTAATGT	3060
40	TCCAATCATT ATTGTGCAAC GCTATAATCG ACCGAGATTA ACGCAGTTAC TACGCATATT	3120
	AAAACGAAGA GGTGAACGTC ATGACTAAAC ATATCATCGT TATTGGTGGT GGCTTAGGTG	3180
	GGATTTCTGC AGCAATTCGA ATGGCACAAA GTGGCTATTC GGTCTCATT AATGAACAAA	3240
45	ATAATCATAT AGGAGGCAAA GTGAATCGTC ATGAATCAGA TGGCTTTGGC TTTGATTTAG	3300
	GTCCATCTAT TTTAACGATG CCTTATATTT TTGAAAAATT ATTCGAATAT AGCAAGAAGC	3360
	AAATGTCAGA CTACGTTACA ATCAAGCGAT TGCCACATCA ATGGCGTAGC TTTTTCAG	3420
50	ATGGAACGAC TATCGATTTG TATGAAGGTA TTAAAGAAAC AGGTCAGCAT AATGCGATAT	3480
	TGTCGAAACA GGATATAGAG GAACTGCAAA ATTATTGAA TTATACAAGA CGAATCGATC	3540

55



TTCATGGGCC ATTAAATGCT CTTATTAATT ATGATTATGT ACATACTATG CAACAGGCCA 3660  
 TAGACAAGCG TATCTCGAAT CCATACTTGC GACAAATGTT AGGCTATTTT ATCAAATATG 3720  
 5 TAGGTTCTTC ATCATACGAT GCGCCAgCTG TATTATCTAT GTTATTCCAT ATGCAACAAG 3780  
 AGCAAGGCCT TTGGTATGTA GAAGGTGGAA TCCATCATTT AGCCAATGCC TTGGAAAAGc 3840  
 tAGCGCGTGA AGAAGGTGTC ACAATTCATA CAGGTGCACG TGTGGACAAT ATTAAAACAT 3900  
 10 ATCAAAGACG TGTGACGGGT GTCAGATTAG ATACAGGTGA GTTTGTAAAG GCAGATTATA 3960  
 TTATTTCAAA TATGGAAGTC ATACCTACTT ATAAATATTT AATTCACCTT GATACTCAAC 4020  
 GATTAAACAA ATTAGAGAGG GAATTTGAGC CGGCAAGCTC AGGATATGTG ATGCATTTAG 4080  
 15 GTGTTGCTTG CCAATACCCG CAATTAGCAC ATCATAATTT CTTTTTTTACG GAAAATGCTT 4140  
 ATCTCAATTA TcAACAAGTT TTTcATGAAA AGGTATTGCC AGATGATCCG ACCATTTATC 4200  
 20 TAGTAAATAC GAATAAACT GATCACACAC AAGCGCCAGT AGGTTATGAA AATATCAAAG 4260  
 TCTTACCACA TATTCCATAT ATTCAAGATC AGCCTTTTAC CACTGAAGAT TATGCGAAGT 4320  
 TTAGGGATAA AATTTTGGAT AAATTAGAAA AATGGGACT TACTGATTTA AGAAAACACA 4380  
 25 TTATTTATGA AGATGTTTGG ACACCGGAGg ATATTGAAAA AAATTATCGT TCTAATCGTG 4440  
 GTGCAATATA TGGTGTGTA GCAGATAAAA AGAAAAACAA AGGATTTTAAA TTTCTTAAAG 4500  
 AAAGTCAGTA TTTTGAAAAC TTGTACTTTG TAGGTGGATC AGTAAATCCT GGTGGTGGCA 4560  
 30 TGCCAATGGT TACATTAAGT GGGCAACAAG TCGCAGcAAg ATAAACGCGC GAGAAGCGAA 4620  
 GAATAGGAAG TGATATCTAT GAAATGGTTA TCACGAATAT TAACAGTAAT AGTGACCATG 4680  
 TCTATGGCGT GTGGTGCaTT GATATTTaAT CgTAGACATC A 4721

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 235:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3516 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 235:

TATTCGTGCG CAATGGGCTA AATTAGGTCT AGGTTTAGAT TATAGTAGAG AACGTTTAC 60  
 TTTAGATGAA GGTTTAAGTA AAGCAGTTAA AAAAGTTTTT GTTGATTAT ACAATAAAGG 120  
 50 AATTATTTAT CGTGGCGAAC GTATTATAAA TtGGGATCCn AAAGCACGTA CAGCTTTATC 180  
 TGaTATTGAA GTAATACATG AAGATGTTCA AGGTGCGTTT TATCATTTTA AATATCCTTA 240

## EP 0 786 519 A2

	TACAGCGATT GTTGTTAACC CTAATGACGA ACGATACAAA GATGTAATCG GTAAAACCTGT	360
	TATATTACCA ATCGTAGGAC GCGAACTGCC TATTTTAGCA GATGAGTATG TTGATATAGA	420
5	CTTCGGTTCT GGTGCTATGA AAGTGACACC AGCACATGAC CCTAATGATT TTGAAATTGG	480
	TCAAAGACAT CAATTAGAAA ATATTATCGT TATGGATGAA AATGGTAAAA TGAACGACAA	540
	AGCGGGTAAA TATGAAGGTA TGGACCGTTT TGATTGTCGT AAACAGCTAG TTAAAGATTT	600
10	AAAAGAACAA GATTTAGTTA TCAAGATTGA AGATCATGTT CATTCTGTAG GTCATTGAGA	660
	ACGATCTGGC GCTGTTGTTG AACCATATTT ATCAACACAA TGGTTTGTGC GCATGGAAGA	720
	CTTAGCGAAA CGTTCATTAG ATAACCAAAA AACAGATGAT CGTATTGATT TTTATCCGCA	780
15	ACGTTTCGAA CATACATTTA ACCAATGGAT GGAAAATATT AGAGATTGGA CGATTTCAAG	840
	ACAATTATGG TGGGGTCATC AAATTCCGGC TTGGTATCAT AAAGAAACAG GCGAAATATA	900
20	TGTTGGAGAA GAAGCGCCAA CTGATATTGA AAATTGGCAA CAAGATGAAG ATGTATTAGA	960
	TACGTGGTTC TCaAGTGCTT TATGGCctTT CTCyACGTTA GGTGGCCTG ATTTAGAAAG	1020
	TGAAGACTTT AAACGATACT ACCCAACAAA TGCCTTAGTT ACAGGTTACG ATATTATCTT	1080
25	TTTCTGGGTA GCACGCATGA TATTCCAAGG CTTAGAATTT ACAGATCGTC GTCCATTTAA	1140
	TGATGTATTA TTACACGGTT TAGTTCGTGC TGAAGACGGG CGTAAGATGA GTAAATCATT	1200
	AGGTAATGGT GTGGATCCAA TGGATGTTAT TGACGAATAC GGTGCTGATA GCTTGCGTTA	1260
30	CTTCTTAGCA ACAGGTTTCAT CTCCAGGACA TGATTTAAGA TACTCAACTG AAAAAGTTGA	1320
	GTCAGTGTGG AACTTTATCA ATAAATCTG GAATGGGGCA CGTTTCAGTT TAATGAATAT	1380
	CGGTGAAGAC TTTAAAGTTG AAGATATCGA TTAAAGTGGT AACTTATCAT TAGCAGATAA	1440
35	ATGGATTCTA ACACGTTTAA ATGAAACGAT TGCAACAGTT ACTGATTTAA GTGACAAATA	1500
	TGAATTCGGC GAAGTTGGAC GTGCATTATA TAATTTTCATT TGGGATGATT TCTGTGATTG	1560
40	GTACATTGAA ATGAGTAAAA TTCCAATGAA TAGTAATGAT GAAGAACAAA AACAAGTTAC	1620
	ACGTTTCAGTA TTGAGTTATA CTTTAGACAA TATTATGAGA ATGCTACATC CATTATGCC	1680
	ATTTGTAACA GAGAAAATAT GGCAAAGTTT ACCACATGAA GGTGACACAA TTGTTAAAGC	1740
45	TTCATGGCCA GAAGTGC GTG AATCATTGAT TTTTGAAGAA AGTAAACAAA CAATGCAACA	1800
	ACTTGTGTA ATCATTAAAT CTGTAAGACA ATCACGTGTA GAAGTAAATA CGCCATTGTC	1860
	TAAAGAAATA CCTATTTTAA TTCAAGCTAA AGATAAAGAA ATTGAAACAA CTTTATCACA	1920
50	AAACAAAGAT TATTTAATCA AATTCTGTAA TCCTAGTACC TTAAATATTA gCtGACGTGG	1980
	AAAwTCCTGA GAAAGCAATG ACaTCAGTTG TAATTGCAGG TAAAGTGGTA TTACCATTAG	2040

55

	AAAGCGAATT AGATAGAGTA GATAAAAAGC TCTCTAATGA AAAC TTTGTA AGTAAAGCAC	2160
	CTGAAAAGGT TATAAATGAA GAAAAACGTA AAAAACAAGA TTATCAAGAA AAATATGATG	2220
5	GTGTGAAGGC AAGAATTGAA CAATTAAAAG CATAGGAGTT AGTAACAATG AATTACCTAG	2280
	AGAGCTTGTA TTGGATACAC GAAAGAACTA AATTTGGCAT CAAACCAGGT GTTAAACGTA	2340
	TGGAATGGAT GCTAGCACAA TTTAATAATC CTCAAATAA CATTAAAGGT ATTCATGTAG	2400
10	GTGGCACAAA TGGTAAAGGC TCTACAGTTG CTTACCTTAG AACAGCTTTA GTTGAAAATG	2460
	GTTATGAAGT AGGTACATTT ACGTCGCCGT TTATTGAAAC ATTTAATGAA CGAATTAGTC	2520
15	TAAATGGTGT GCCAATATCA AATGACGCTA TTGTAGAATT AGTATCACGT ATTAAACCAG	2580
	TAAGTGAAAT GATGGAACGT GAAACAGATT TAGGTGTTGC AACTGAATTC GAAATAATCA	2640
	CAGCGATGAT GTTTTTATAT TTTGGTGAAA TACATCCTGT TGATTTTGTG ATTGTTGAGG	2700
20	CTGGATTGGG TATAAAGAAC GATTGACAA ATGTCCTTAC ACCGGTTTTA TCAATCTTAA	2760
	CTAGTATCGG TCTAGACCAT ACAGATATTT TAGGTGGTAC TTATCTAGAT ATTGCTAGGG	2820
	ATAAAGGCGC GATTATAAAG CCTAACGTTT CAGTGATATA TGCTGTTAAA AATGAAGATG	2880
25	CATTAAATA TGTTCTGTGAA CGCGCAATTG AACAACATGC AAAGCCAATT GAATTAGATA	2940
	GAGAAATTGT TGTTGTATCG CAAAATGATG AATTTACTTA CCGTTATAAA GATTATGAAT	3000
	TAGAAACAAT CATTTTAAGC ATGTTAGGTG AACATCAGAA ACAAATGCT GCATTAGCCA	3060
30	TAACAGCTCT TATTGAATTA AATGAACAAG GATTAATTGA ATTAGATTTC AATAAGATGA	3120
	TAGACGGTAT TGAATCAGTT CGTTGGACTG GACGTATTGA GCAGGTGCAT GACAAACCTT	3180
35	TAATCATTTT GGATGGCGCA CATAATTCAG AGAGTATAGA TGCTCTAATT GATACAATTA	3240
	AACAGTACCA TGATAAAGAA AAAGTAGATA TTTTGTCTC AGCAATAAAC GGAAAACCGA	3300
	TTAAGGAGAT GGTCAAACAT TTAAGTTTAA TTGCGCATAC GTTTTATGCA ACTGAATTTG	3360
40	ATTTTCCGAA AGCGTTACGC AAAGAAGAAA TTGTAGGTAG TATTGAAAAT GATGAAATAC	3420
	AATTAGTAGA TGA CTACGTT GAATTTATAA AAAATTATCA AGGTGATACA TTAGTAATTA	3480
	CCGGTAGTCT GTATTTTATA AGTGAAGTTA AATCAA	3516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 236:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7481 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

	TGAGTGATAG AATCAAAAAA GCCATCTCAA AAATTAATCA AGCAAACAAC ATTCCAAACA	60
	ATGsTCGCAA ATCACCAATG TATCACTCTC CAATTACGTA ACTATGATTT AATTTAAGCA	120
5	TAGTTATTGA GGTTTTGTGA TATATAGTAT AAAATTAATG AGAATTAAAT TTAATAATGT	180
	AAAATTCATm TTCgGGGTCG GGTGTAATTC CCAACCGGCA GTAAATAAAG CCTGCGACCT	240
	GCTAGTATGT ATCATATTAG TGGCTGATCT AGTGAGATTC TAGAGCCGAC AGTATAGTCT	300
10	GGATGGGAGA AGATGGAGGT TTTTGTGTGT GCAATAATCC TCCTATTCTT ACGAGATGAA	360
	TGGAAGGAGA AAATTGAATA TGCAACAAAA TAAACGTCTT ATCACAATAA GTATGTTGAG	420
15	CGCGATTGCG TTTGTGTTAA CTTTTATCAA GTTTCCTATA CCATTTTTGC CACCATACTT	480
	AACTTTAGAT TTTAGTGATG TACCGTCACT ACTAGCTACA TTTACGTTTG GACCAGTTGC	540
	CGGTATCGTA GTTGCACTGG TTAAAAATTT ATTGAACTAC TTATTTAGTA TGGGCGATCC	600
20	AGTTGGACCA TTTGCTAACT TTTTAGCAGG CGCAAGTTTC TTATTAAC TG CTTACGCCAT	660
	CTATAAAAAAT AAACGTTCAA CAAAATCTTT GATTACTGGA TTAATCATTG CAACAATCGT	720
	TATGACTATC GTGTTGAGTA TTTTGAAC TA TTTCTGTTCTA TTACCTTTGT ACGGTATGAT	780
25	ATTTAACTTA GCTGATATCG CAAATAATCT TAAAGTAATC ATTGTTTCAG GAATTATACC	840
	ATTCAATATT ATTAAAGGTA TCGTTATTTT TATTGTATTT ATTTTACTAT ATAGAAGGCT	900
	TGCGAATTTT TTGAAAAGAA TTTAATCAAA TTAAGCAAA ATAATATACA CATAATAATA	960
30	AAAAGCAGGT GACTATCAAT AAACGATAGC TTGCCTGCTT TTTCTATAGA ACATTTGTCT	1020
	AAAAAATCAA TTATTCaAAT TTTAAAGCGT CCCCATCAAA TGATTCGTCT GCAATTTTAA	1080
35	TAGAATCTGt AGGGCATCCa TCAATTGCAT CTTCCATATC TTCATATAAT TCCTCAGGTA	1140
	CTTCTGCAGT ACCTTGGT TA TCGTCAAGGA TTACGAAAGC AATACCTTCG TCGTCGTAAT	1200
	CATATATATC TGGCGCTGCT GCACCGcATG CACCACATGC AATACAAGTA TCCATATCAA	1260
40	CGATTGTATA TTTTGCCAAT GTCTTCGCCT CCTTTGATAA AAATGCTAAA ATAGTAATGT	1320
	GACTAAAATT TTAGACAGCA TCATTTTTAT TTTCAAATTA TCCGTTTTAC AGAGTGAGGG	1380
	TTAAATTTGC AACACATTAT AAAACAGCA TTACAACAAA CATTTAACTA TAAAACAAAT	1440
45	AAAAGTATTT ACAATATCTT AGTTGGTAAG AAATCTCACC AAACCTTTTT TGACGCTTGT	1500
	AGTCAACAAC AGTTGTCATT ATATCACAGT TTACCACTAT TAAAATATCC GTCTTTTGAG	1560
	CTATTTtTAG AAAAAATCAA TGAATTTAAT GCTGAAATGG AAATCATGTT GCATCCTAGA	1620
50	TATACATTTG aAAGCATGGG GCAAACATTT CAAGCAATTC AACTATTAGT GCAAaCCATG	1680
	TCTAATACCA AACAACATGT TTTTCATTTT GTACCAATCT CTCAAAATAA TAAGATACAm	1740

55

	AATGAACTAC ATAACTTGTT TAAAGCAATA ACTTTAAAAG GGCCATGTTA CTTACATTAT	1860
	TATTTGCAAG GCTATGATGA ACCAATGTAT ACGAGACAGC AAGTTAGTTT AATAGAAAAG	1920
5	CTATCTCAAC AGCAATTGTT TGAATACGAA ATGAATAATT TAGTGACAAAT GATGTTTGAA	1980
	TTAGAAAGTG GAGAATATAC TATTTTATCA AAAATAATAA TGAAACCTAC ATTATTAAAT	2040
10	CAAACTTATA TTACTTATAC AAAATTGCTT GAACAATTCA CGATGGAAGA TATAGCGGCT	2100
	CAACAACAAG TTAAATCAAA TACTATCGAA GATCATGTAC TTGAAATCTT AATCAAAGGT	2160
	TACATGTCTA ATTACGATGA TTATGTTGAA CTAGAAGATC AACTCCAGTT TTTGAATTTT	2220
15	TATCAACAGC ATCGTGGCGA ACGATTAAAA TTTTACAAAG AACAATTTGA CACGTTATCA	2280
	TATTTTCAAT TAAAAGTATT AATCGTTGGA TTTGAAAGAG GTGATCTGAA TGTGTCATGA	2340
	TATTTTACGA AACAAATTTG GATTTCGAGAG TTTTAAACCG GGACAACAGG AAATTATAGA	2400
20	AAGTATAATG TCTCAACAAC ACACTCTAGG TATACTTCCA ACTGGAAGTG GAAAGAGTTT	2460
	GTGTTATCAA ATACCTACGT ATTTATCAGG TAAGCCGACA TTAATTATCT CACCGTTAAT	2520
	ATCTTTAATG GATGACCAAG TTATGCAGTT GAAAATAAAT GGAGAAAAAC GTGTAACATG	2580
25	TATTCACCTCT GGTATGGATG AAATTGAGAA AAAGCATAAT ATTAAATGTT TACGACATAG	2640
	CCGCTTCATC TTTCTAAGTC CAGAATTTCT CCTGCAACCG TCAAATTTTA AATTAATATC	2700
	TATGATAGAC TTGGCATGA TTGTTCTAGA TGAAGCACAT TGCCTATCTG AATGGGGATA	2760
30	TGATTTTACA CCACATTATG CTCTAATAGG AAAAGTAACA AAGCATTTTA AAGAAGCGGT	2820
	TGTCTTAGCA TTGACAGCAA CTGCACCACC GCATTTACAA GATGATTTGA CGGAAATGTT	2880
35	AGCGATTCAA TTCAATGTTA TTAAACTAC AATGAATCGC CCAAATATAA GCTTTAAGCA	2940
	TCTTAATTTT CATGATGATG AAGATAAAAT TGAATGGTTG CTGCCGTTTC TACAACAGTC	3000
	GGGAGCAACG ATTATTTATG TCTCATCGAA AAAGATGTGT CTGAATTTAG CGCAACTTAT	3060
40	TTATGATTCA GGTTTTCTTA CAGGTATTTA TCATGGTGAT ATGAATTATC AAGAGCGACA	3120
	CACAGTTCAA CAACAATTTT TAAATAATGA TATTCCGATT ATAGTCGCAA CGAGTGCTTT	3180
	TGGTATGGGA ATTAATAAAA AAGATATTCG CACAATCATT CACTTTCATC TTTCAACAAG	3240
45	TCCTTCTAAC TACATTCAAG AAATTGGCCG TGCGGGTCGC GATGGTGAAC TAAGTCAGGC	3300
	AATTAGTTTA TTCCAACCGG ACGATAAATA TATTTTAGAA ACGTTATTAT TTGCAGATAT	3360
50	GATAACAGAA GAAGATGTAC AAAATTTCTG AATAGGAGAA TTTTLAGCTC CCGATAAACA	3420
	AGCCGTTTTG ACAACGTTGc AATCATTCTA TAGTATCGGC GCCTTGaAAC AGATATTTAA	3480
	GCAATCATTT AAACGAAAGC AATTAGGATT CTTTCGCATG ATTGGCTATT GCAAATTGGA	3540

55

	ATGTTGTGAC AATGATTCTA ATATAACTGA TATCGCAATT TTAAATAAGA AGAAGGTAAT	3660
	TAGAAGTATT GGATTGTATG AAAAGTTGCA AAATTTATTT CTCAGATAGT ATTACTTTAC	3720
5	TAAAAGAAAA TTGACAAGCT ATAATTAGTG TATACACAAT TGAAAAATGA TTGAAATAAT	3780
	TTTGAAAAAT ATACATAAAC ATATGTCATG TGGGTATATT TTATGTAAAA TCATTGTAAT	3840
10	AGAATAGAAA GGAAGATGGC TATGTCTAAT AATTTTAAAG ATGACTTTGA AAAAAATCGT	3900
	CAATCGATAG ACACAAATTC ACATCAAGAC CATACGGAAG ATGTTGAAAA AGACCAATCA	3960
	GAATTAGAAC ATCAGGATAC AATAGAGAAT ACGGAGCAAC AGTTTCCGCC AAGAAATGCC	4020
15	CAAAGAAGAA AAAGACGCCG TGATTTAGCA ACGAATCATA ATAAACAAGT TCACAATGAA	4080
	TCACAAACAT CTGAAGACAA TGTTCAAAAT GAGGCTGGCA CAATAGATGA TCGTCAAGTC	4140
	GAATCATCAC ACAGTACTGA AaGTCAAGAA CCTAGCCATC AAGACAGTAC ACCTCAACAT	4200
20	GAAGAGGAAT ATTATAATAA GAATGCTTTT GCAATGGATA AATCACATCC AGAACCAATC	4260
	GAAGACAATG ATAAACACGA TACTATTAAA AATGCAGAAA ATAACACTGA GCATTCAACA	4320
	GTTTCTGATA AGAGTGAAGC TGAACAATCT CAGCAACCTA AACCATATTT TACAACAGGT	4380
25	GCTAACCAAT CAGAAACATC AAAAAATGAA CATGATAATG ATTCTGTAAA ACAAGATCAA	4440
	GATGAACCTA AAGAACATCA TAATGGTAAA AAAGCAGCAG CTATTGGTGC TGGAACAGCA	4500
	GGTGTTCAG GTGCAGCTGG TGCAATGGCT GCTTCTAAAG CTAAGAAACA TTCAAATGAC	4560
30	GCTCAAAACA AAAGTAATTC TGGCAAGGCG AATAACTCGA CTGAGGATAA AGCGTCTCAA	4620
	GATAAGTCTA AAGATCATCA TAATGGCAAA AAAGGTGCAG CGATCGGTGC TGGAACAGCA	4680
35	GGTTTGCTG GAGGCGCagC AAGTAAAAGT GCTTCTGCCG CTTCAAAACC ACATGCCTCT	4740
	AATAATGCAA GCCAAAACCA TGATGAACAT GACAATCATG ACAGAGATAA AGAACGTAAA	4800
	AAAGGTGGCA TGGCCAAAGT ATTGTTACCA TTAATTGCAG CTGTACTAAT TATCGGTGCA	4860
40	TTAGCGATAT TTGGAGGCAT GGCATTAAAC AATCATAATA ATGGTACAAA AGAAAATAAA	4920
	ATCGCGAATA CAAATAAAAA TAATGCTGAT GAAAGTAAAG ACAAAGACAC ATCTAAAGAC	4980
	GCTTCTAAAG ATAAATCAAA ATCTACAGAC AGTGATAAAT CAAAAGAGGA TCAAGACAAA	5040
45	GCGACTAAAG ATGAATCTGA TAATGATCAA AACAACGCTA ATCAAGCGAA CAATCAAGCA	5100
	CAAAATAATC AAAATCAACA ACAAGCTAAT CAAAATCAAC AACAGCAACA ACAACGTCAA	5160
	GGTGGTGGCC AAAGACATAC AGTGAATGGT CAAGAAAAC TATACCGTAT CGCAATTCAA	5220
50	TACTACGGTT CAGGTTTACC GGAAAATGTT GAAAAAATTA GACGTGCCAA TGGTTTAAGT	5280
	GGTAACAATA TTAGAAACGG TCAACAAATC GTTATTCCAT AATATAACTA TATAAATTGT	5340

55

	TAAATTGCGC TTATAAGTAT GTAGCGGTTT TTTCATTTTT CAAAGTTTGT TATTTAACAA	5460
	GGTCTTGTCT CGAATATTGG CATATCAATT TAACTTTTTA AATAGTCATC AAAAAGATAA	5520
5	AACACCACAA TCAACAAATT TAACGAGGAA GAATAAAAAA TAAATCAACA TATTAAATTG	5580
	TAGTGTATT CAACTCCGTA GCTAACAATT CTCTATTCAC ATTAAACAAA TTGTCAAAAA	5640
	TATATCATAA ATCTTCAAGC ACAGACTTAG CGCATCAATC ACTGAACTGT TATAATAGTT	5700
10	TGGGATTAAA GGAGGCCGAA ACAATGCAAA AAGTTGAAAG TATCATAATT GGTGGAGGGC	5760
	CATGCGGATT AAGTGGCGCT ATTGAACAAA AAAGAAAAGG TATTGATACC TTAATTATTG	5820
15	AAAAGGGTAA TGTCGTTGAA TCAATCTACA ATTATCCTAC TCACCAAACA TTTTCTCAT	5880
	CAAGTGATAA ATTAAGTATT GGGcGAgTAC CGTTTATCGT TGAAGAAAGT AAACCAAGAC	5940
	GTAATCAAGC GCTAGTTTAT TACCGAGAAG TTGTAAAACA TCATCAATTA AAAGTAAATG	6000
20	CATTTGAAGA AGTATTAACT GTTAAAAAAA TGAATAATAA ATTTACTATT ACTACGACGA	6060
	AAGATGTTTA TGAATGTCGA TTTTAAACAA TCGCGACAGG CTATTATGGT CAGCATAATA	6120
	CATTAGAAGT TGAAGGTGCG GATTTACCTA AAGTGTTCCA TTATTTTAAA GAGGCACATC	6180
25	CGTATTTTGA TCAAGATGTT GTAATTATCG GTGGTAAGAA TTCGGCTATC GATGCTGCTT	6240
	TGGAGTTGGA AAAAGCTGGT GCTAACGTA CGGTTCTATA TCGTGGTGGG GATTATTCGC	6300
	CTTCAATTAA ACCGTGGATA CTTCCAAATT TCACAGCATT AGTAAATCAT GAAAAAATTG	6360
30	ACATGGAATT TAATGCTAAT GTTACCCAAA TAACTGAAGA TACTGTGACT TATGAAGTAA	6420
	ATGGTGAAAG TAAACGATA CACAATGATT ATGTATTTGC GATGATTGGT TATCATCCCG	6480
	ATTATGAATT TTTAAATCT GTAGGCATTC AAATTAATAC AAATGAATTT GGAACAGCGC	6540
35	CTATGTATAA TAAAGAAACA TACGAAACAA ATATCGAAAA TTGCTATATT GCAGGTGTAA	6600
	TTGCTGCAGG GAACGATGCG AATACCATT TTATTGAAAA TGGTAAATTC CACGGGGGCA	6660
40	TTATTGCTCA AAGCATGCTA GCTAAGAAAC AAACGCCCTT AGAATCATAA AAATAAAGGT	6720
	CTATGTACTA AATAACTTAG TTTTACAACG ACTGACATTC ATGATATGTC AAATGAGGTT	6780
	GATGACTATT GATTGTACAT AGACCTTTTT ATGTTACGTA TTCATTATAA TTCAAAATAT	6840
45	GATTTGATTT CAGCTTTATC TAAATTGTTG CTTAACGCGA CTAATAATTT TAATCTTGCT	6900
	TTTGACCAT TCAAGCCGTT AGAAAAATA AAACCTTGTG GTGCGAGTTG GTAACCACCA	6960
	CCATCGTATG CGTAAGTTGG ACTCACAATA CCATTAAAGG AACGTGAAAC TAGCACAATA	7020
50	GGTATATTTA AAGATACTAA TTGTTGAATG CCTTCTAATG CGCTTGGAGG TATGTTGCCT	7080
	TGTCCTAACG CTTCAATAAC CATACCATCG ATACCTTCTC GACTATAAAA ACTAAAAATG	7140

55

TCCAATGCTT GTTGGCGATA TGGCATATGA TGGAATTGCA CACGATCCTT TGTCAATACA 7260  
 CCTAGCGGAC CATGATTTGG ACTTTGAAAT GTGTTTGTAT TAGACGTATG TGTTTTGGTA 7320  
 5 ACATTACGCG CCGTATGAAT TTCATCATTA AaTACAACCA TCACGCCTTT ATGACGGGCC 7380  
 TTTTCATCAG AGGCAACGCG AATAGCGGAA ATATAATTAT ATAATCCGTC AGAACCAATT 7440  
 TCATTAGACG AGCGCATTGG CCAAGAANTA ACAACAGGTT G 7481

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 237:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6346 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 237:

ATGAATTATA CCTTCCACTA GAAGTGTGCG TATTTATGTG CCTGGTGGTA AAGCAAGTTA 60  
 TCCTTCAACG GTATTAATGA CAGCGACGTT AGCACAAGTA GCAGGTGTGG AAAATATTGT 120  
 25 CGTTGTGACA CCACCTCAAC CTAATGGTGT GTCTCAAGAA GTATTAGCAG CATGCTATAT 180  
 TACGCAAGTT GATCAAGTAT TTCAAGTTGG TGGTGTCTAA AGTATTGCTG CGTTAACTTA 240  
 TGGCACAGAA ACGATACCTA AAGTTGATAA GATTGTAGGT CCAGGCAATC AATTTGTTGC 300  
 30 ATATGCCAAG AAATATTTAT TTGGACAAGT AGGTATTGAC CAAATAGCTG GACCAACAGA 360  
 AATAGCACTT ATTATTGATG AAACAGCAGA TTTAGATGCC ATCGTATATG ATGTTTTTGC 420  
 ACAAGCAGAA CATGATGAAT TAGCACGTAC ATATGCCATT AGTGAAGATG CGCAAGTCCT 480  
 35 TAAAGATTTA GAATCACGTA TTGCTAAAGC ATTGCCTAAT GTGGACAGAT ACGACATTGT 540  
 TTCTAAAAGT ATCGCTAATC AACACTACCT TATCCATGCT AGTAATTTTG ATGAAGCATG 600  
 CCATGTCATG AATACAATCG CGCCTGAACA TCGGTCGATT CAAACAGTAA ATCCTCAACC 660  
 40 ATATATTGAA AAAGTGAAAT ATGTGGGTGC ATTGTTTATT GGACATTATT CGCCAGAGGT 720  
 CATAGGAGAT TACGTTGCAG GTCCAAGTCA TGTATTACCT ACAAATAGAA CAGCTAGATT 780  
 TACCAATGGG TTATCGGTCA ATGATTTCTT AACACGGAAC ACGGTCATCC ATTTATCAAA 840  
 45 AGATACGTTT GAACAAATTG CTGATTACAGC ACAACATATT GTCATGTTG AAGCATTATA 900  
 CAATCACCAG CAGTCTATTT TAATACGTCA GTCTTAGGGG AGTGTAATTG AAATGATTTA 960  
 50 TATTGATAAA AATGAAAGTC CAGTTACGCC GTTGGATGAA AAAACAATGA CGTCTATTAT 1020  
 TAGTGCAACg CnATATAATT TATATCCTGA TGCAGCATAT GAACAATTCA AGGAAGCTTA 1080

55



	GATTCAAAAG TTAATGCTGA TCATGCCAGA AGGTCCGGCA TTAACGCTAA ATCCTGATTT	1200
	TTTTATGTAT CAAGCATATG CGGCACAAGT AAATCGTGAA ATTGCATTTG TAGATGCAGG	1260
5	ATCAGATTTA ACGTTTGATT TGGAAACCAT TTTAACGAAA ATCGATGAAG TACAACCATC	1320
	ATTTTTTATT ATGAGTAATC CACATAACCC TTCAGGCAAG CAATTGATA CGGCATTTTT	1380
	AACAGCTATT GCAGATAAGA TGAAAGCATT AAACGGATAC TTTGTCATTG ATGAAGCATA	1440
10	TTTAGATTAT GGTACGGCAT ATGACGTGGA ACTGGCACCA CACATCTTAA GAATGCGTAC	1500
	ATTATCAAAG GCGTTTGGAA TTGCCGGCTT AAGATTAGGT GTCTTAATTA GTACTGCTGG	1560
	AACGATAAAG CATATTCAAA AAATAGAACA TCCATATCCA TTAAATGTAT TTACGCTAAA	1620
15	TATTGCGACT TATATTTTTA GACATAGAGA AGAGACAAGA CAATTTTTTAA CGATGCAACG	1680
	ACAGTTAGCT GAGCAGTTAA AACAAATATT TGATACACAT GTTGCAGATA AAATGTCAGT	1740
20	GTTCCCATCA AATGCTAATT TTGTACTTAC TAAAGGCTCA GCAGCGCAAC AATTAGGACA	1800
	ATACGTATAT GAACAAGGAT TTAAACCTCG CTTTTATGAT GAGCCGGTGA TGAAGGGCTA	1860
	TGTAAGATAC TCAATTGCAA CAGCATCACA GTTAAAGCAA TTAGAAGAAA TTGTTAAAGA	1920
25	ATGGAGTGCA AAATATGATT TATCAAAAAC AACGAAACAC AGCTGAAACG CAACTAAATA	1980
	TTTCAATATC TGATGATCAG TCACCATCGC ATATTAATAC AGGTGTGGGC TTTTTAAATC	2040
	ATATGTTAAC CTTGTTTACA TTTCATAGCG GTCTGTCATT AAACATTGAG GCACAAGGTG	2100
30	ATATTGACGT AGATGATCAC CACGTAAC TGAGATATCGG CATTGTGATT GGCCAATTGT	2160
	TACTTGAAAT GATTAAAGAT AAAAAGCATT TCGTTCGTTA TGAACGATG TACATTCCAA	2220
	TGGATGAAAC ATTAGCACGT GTCGTTGTGG ATATAAGTGG GCGCCCATAC CTATCATTCA	2280
35	ATGCATCATT AAGTAAAGAA AAAGTTGGTA CGTTTGATAC GGAGTTAGTA GAAGAATTTT	2340
	TTAGAGCGGT CGTAATCAAT GCAAGATTAA CAACGCATAT TGATTTAATT CGTGGAGGTA	2400
40	ATACACACCA TGAAATTGAA GCTATATTCA AAGCGTTTTT CCGTGCATTA GGCATAGCGC	2460
	TAACTGCAAC TGATGATCAG CGTGTGCCGT CATCGAAAGG TGTGATTGAA TGATTGTCAT	2520
	CGTTGATTAT GGATTAGGGA ATATTAGTAA TGTAACACGC GCTATTGAAC ATTTAGGGTA	2580
45	TGAGGTGGTT GTCTCAAATA CCTCAAAAAT AATCGATCAA GCAGAAACAA TCATATTGCC	2640
	CGGTGTCGGC CATTTTAAAG ATGCGATGTC AGAGATAAAA CGATTAAATC TCAATGCAAT	2700
	ATTGGCTAAG AATACTGATA AGAAGATGAT TGGTATTTGT TTAGGCATGC AATTAATGTA	2760
50	TGAGCATAGT GATGAAGGCG ATGCATCTGG ATTAGGGTTT ATCCCAGGAA ATATTTTCGG	2820
	TATCCAAACA GAATACCCAG TGCCACACTT AGGCTGGAAT AATTTAGTGA GTAAGCACCC	2880

55

	AATTGCATAT GCGCAGTATG GGGCTGATAT TCCGGCAATT GTTCAATTTA ACAATTATAT	3000
	TGGTATTCAA TTCCATCCTG AAAAAAGCGG TACATATGGG TTACAAATTT TGCCTCAGGC	3060
5	AATACAAGGG GGATTTATAA ATGATTGAAT TATGGCCAGC GATTGATTG ATTGGGTCAA	3120
	CAAGTGTGAG GTTAACAGAG GGTAAATATG ATAGTGAAGA AAAAATGTCA CGCTCGGCTG	3180
	AAGAAAGTAT TGCTTACTAT AGTCAATTTG AATGTGTGAA TCGTATTCAT ATCGTCGACT	3240
10	TGATAGGTGC TAAGGCACAG CATGCCCGAG AGTTTGATTA TATTAAGTCA TTGAGGAGAT	3300
	TAACAACCAA AGATATTGAA GTAGGTGGTG GCATTCTGAC GAAGTCACAA ATCATGGACT	3360
	ACTTTGCCGC AGGGATTAAT TATTGCATAG TTGGAACGAA AGGTATTCAA GATACTGATT	3420
15	GGCTTAAAGA GATGGCACAT ACATTTCAG GTGCGATTTA TTTATCTGTT GATGCCTATG	3480
	GAGAAGATAT TAAAGTGAAC GGATGGGAAG AGGACACAGA GTTAAATTTA TTTAGTTTTG	3540
20	TGAGACGGTT ATCGGATATA CCTCTGGCG GCATTATATA TACTGATATT GCTAAAGATG	3600
	GCAAAATGTC CGGACCTAAC TTTGAATTAA CTGGTCAATT AGTAAAGGCA ACGACGATTC	3660
	CTGTCAATTG TCCGGTGGT ATTAGACATC AGCAAGATAT TCAACGATTA GCGTCGCTAA	3720
25	ATGTTACCGC TGCTATTATA GGAAAGGCTG CACATCAAGC ATCTTTTGG GAGGGGCTAA	3780
	AATGATTAAA AAACGTATCA TTCCATGTTT AGATGTCAAA GATGGTCGTG TCGTTAAAGG	3840
	GATTCAATTT AAAGGATTAA GGGATATTGG GAATCCTGTT GATTTAGCAA TGTATTACAA	3900
30	TGAAGCGGGT GCTGATGAAT TAGTATTTTT AGACATCTCT AAGACGGAAG AGGGTCATAG	3960
	CTTAATGCTA GAAGTGATTG AACAGACAGC GTCACGCTTG TTTATCCCTC TTAGTGTAGG	4020
	GGGTGGGATT CAAAGTCTCG ATGATATTAC CCAATTGCTA AATCATGGTG CAGATAAAGT	4080
35	ATCATTAAAT TCAAGTGCTT TAAAAATCC ACAGCTCATT AAACAAGCGA GTGATAAATT	4140
	CGGTAGACAA TGCATCTGCA TAGCAATTGA TAGCTATTAT GATCCTGAAA GAAAAGCACA	4200
40	TTATTGTTGT ACGACTGGTG GTAAAAAAT GACAAATATT AAAGTATATG ACTGGGTACA	4260
	GCAAGTAGAA CAGTTAGGTG CAGGTGAGCT CCTCGTTACA AGTATGGGAC ATGATGGTAT	4320
	GAAACAAGGC TTTGATATTG AACACCTAGC AAATATTAAG TCTCTGTAA ATATTCCAAT	4380
45	CATTGCTTCT GGTGGTGGTG GCAATGCACA ACACTTTGTA GAATTATTTG ATCAGACGGA	4440
	TGTTCTGCA GGTTAGCTG CAAGTATATT ACATGATCGA GAAACGACGG TTCAATCTAT	4500
	TAAAGAAGTG ATACGGCAAG GGGGTATAGC AGTAAGATGA CCAAATATAA AATTGATTTT	4560
50	AGCAAAGGTT TAGTGCCAGC AATTTTACAA GATAATCAAA CAAAACAAGT ATTGATGTTG	4620
	GGTTATATGA ACCAAGAAGC TTTTGATAAA ACGATAGAAG ATGGTGTGGT ATGTTTCTAT	4680

AAAGATATTC ATGTAGATTG CGACAATGAC ACTATTTTAA TTGATGTCAT ACCAAATGGA 4800  
 CCAACATGTC ATACAGGCAG TCAAAGTTGT TTCAACACAG AAGTTCCATT TTCAGTGCAA 4860  
 5 ACATTAGCGC AGACAGTTCA AGATAGTGCC CAATCCAATA ATGAAAAGTC ATATACAAAA 4920  
 TATTTATTAA CAGAAGGTAT AGAAAAGATT ACAAAAAAAT ACGGTGAAGA AGCTTTTGAA 4980  
 GTCGTAATTG AAGCAATTAA AGGTGACAAA AAAGCATTTG TAAGTGAAGT AGCAGATGAA 5040  
 10 CTTTATCATT TATTTGTCTT GATGCATGCG CTTGGCGTCG ATTTTTCAGA AATTGAGGCG 5100  
 GAATTAGCGC GTAGACATCA TAAGCGCAAT AACTTTTAAAG GTGAACGACA AAATATCGAA 5160  
 CAGTGGTAAA GCAAGTATGG ACTAAGATAT AAGGAAAAGG ATCATGGCTT ATACACTTAC 5220  
 15 AAATATTGTG GAAAACGTGA CATTTTCAAG TTTAAAATAC GACACCAACA TATTTTAACT 5280  
 ATGAATGCTG TGATGGTACT AAAGTTGCGA ACTCGTTATA GATAAGTAGT GGATAATCAC 5340  
 AATACGAAAT CAAAAATAAT TATAAAAAGT AAATTGAGCA ACTCAGGAAT AGATGTCACT 5400  
 20 GTTAAAGATG TCGAAAAGTA TATGAATCGA TATAATGAAG TTATGAAGGG AAAAAATGGC 5460  
 GAAAAGCTA AAGAGTTATG TTTGTCGTTA CTACCTATTA ATATCATAGT TGTCTTTACA 5520  
 25 TTCTTTGTAT TTATACTATA AATACAAATA TATCTAGCCT GAAATAGAAA TGTCATAGCC 5580  
 TATTTAAAAG ACAATCTCCA TTAGAACTAA GATATGCATC CCGAAAGTTA GACTAAAAAA 5640  
 CTAACTTTAT GGGATGTATT TTTATGCTAA TCATCATAAA TTCGAGATTA AGTTAAAGGT 5700  
 30 AGTTCAAGAG TAATTAAACA ATAAATwAAA AATAGTAGGA TACTTACTTT GAGGGAAGAA 5760  
 AATTAAGTGT ATATATTTAG TTTAGGAACA AGTATTACGG TTTATCCTGA TACAATTATT 5820  
 GTGGATGGGA TGATATTTTT AGGTTTAAAA TACGACACCA GCAAACATAA TAAGTGAAT 5880  
 35 AGCTCATAAA TCTCCCCATA TAGCTAATCT AAAAAAATAA TACATCATTG GAATTAAGCC 5940  
 CCAAGCATGT AAATATTTAA AATCAAAAma GATATmTGTA AAAaAGTTAC AATTtGCATA 6000  
 ATTAAGTGT GTCTAATTAT TGACTAATTA AATTTTGCCA AATATAATAT TAATTAATAA 6060  
 40 TTTGaAATGA TTAGCGTATA CACTTTAAAT TCTCTTTGGA GAATATATTT TTAAATACA 6120  
 AATGTAAACG CTTTCTCGTC AAATTAAACA ATAGAAAGGA TGGTCATTAT GAGTGCTTGG 6180  
 45 TTAAGTAAAT TATTTGAGTT TATTCCTCGA ATAATTATCA ATTTGTTTAT CTAAAATAAA 6240  
 AAAATAGAGG TGCTGACAAT GATGAAAAGT CAAAATAAGT ATAGTATTCG TAAATTTAGT 6300  
 GTAGGTGCAT CTTCCATTTT AATAGCTACA TTACTATTTT TAAGTG 6346

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 238:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3775 base pairs

55

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 238:

	TGATAATGAT TCTCATTGTC ATACATCAGG AAGGAGGCTA ATTAGTCAAT GAATAAAGTA	60
10	ATTAAAATGC TTGTTGTTAC GCTTGCTTTC CTACTTGTTT TAGCAGGATG TAGTGGGAAT	120
	TCAAATAAAC AATCATCTGA TAACAAAGAT AAGGAAACAA CTTCAATTAA ACATGCAATG	180
	GGtACAACCTG AAATTAAAGG GAAACCAAAG CGTGTGTGTTA CGCTATATCA AGGTGCCACT	240
15	GACGTCGCTG TATCTTTAGG TGTTAAACCT GTAGGTGCTG TAGAATCATG GACACAAAAA	300
	CCGAAATTCG AATACATAAA AAATGATTTA AAAGATACTA AGATTGTAGG TCAAGAACCT	360
	GCACCTAACT TAGAGGAAAT CTCTAAATTA AAACCGGACT TAATTGTGCG GTCAAAAAGTT	420
20	AGAAATGAAA AAGTTTACGA TCAATTATCT AAAATCGCAC CAACAGTTTC TACTGATACA	480
	GTTTTCAAAT TCAAAGATAC AACTAAGTTA ATGGGGAAAG CTTTAGGGAA AGAAAAAGAA	540
	GCTGAAGATT TACTTAAAA GTACGATGAT AAAGTAGCTG CATTCCAAAA AGATGCAAAA	600
25	GCAAAGTATA AAGATGCATG GCCATTGAAA GCTTCAGTTG TTAACCTCCG TGCTGATCAT	660
	ACAAGAATTT ATGCTGGTGG ATATGCTGGT GAAATCTTAA ATGATTTAGG ATTCAAACGT	720
	AATAAAGACT TACAAAAACA AGTTGATAAT GGTAAGATA TTATCCAACT TACATCTAAA	780
30	GAAAGCATTG CATTAATGAA CGCTGATCAT ATTTTTGTAG TAAAATCAGA TCCAAATGCG	840
	AAAGATGCTG CATTAGTTAA AAAGACTGAA AGCGAATGGA CTTCAAGTAA AGAGTGGAAG	900
35	AATTTAGACG CaGTTAAAA CAACCAAGTA TCTGATGATT TAGATGAAAT CACTTGGAAC	960
	TTAGCTGGCG GATATAAATC TTCATTAAAA CTTATTGACG ATTTATATGA AAAGTTAAAT	1020
	ATTGAAAAAC AATCAAAATA ATTAAGGAGT TTTACGATGC TACTTAAACC AAAATACCAA	1080
40	ATCGTTATTG CTGGTTTATG TCTTGCAATA GTAGCTATCT TAAGTTTAAT GATTGGAAAT	1140
	ACGCTTGTGT CACCAGGTAC GGTGATACAG GCGTTATTCA ACTTTGATAG TGAAAACGAT	1200
	TTACATGATG TTGTCACTGG TGCACGGGCG TCGAGAACAA TCATTGCGTT ATTGACTGGT	1260
45	GCTGCCCTTG CTGTCTCAGG TTTGTTGATG CAAGCACTTA CACGAAACCC AATAGCCTCA	1320
	CCAGGGCITT TCGGTGTCAA TGCAGGCGCA GTATTTTTTG TCATTTTTAG TATTACATTT	1380
	ATCCAAATTC AATCTTTTAA AATGATTGTA GTTATTGCAT TTTGGGGGC TATTGTTGTT	1440
50	ACTGTATTAG TTGTTGCACT AGGTATGTTT AGACAAACAC TATTCTCACC TCACCGTGTC	1500
	ATTTTGGCAG GTGCTGCGAT TGCATGCTA TTTACAGCCT TTACTCAAGG CATACTTATT	1560

	AATATTTGGG ATATCCCATG GATTATTCCG CTTGTATTGA TACTTATTTT AATTGCATTT	1680
	AGCATGGCTG CACACATCAA CATCTTGATG ACAAGTGACG ACATTGCAAC CGGCCTCGGT	1740
5	CAAAACATAA AATTAATCAA ATGGATGATT ATTATGCTCA TCAGTATGTT AGCCGGTATT	1800
	TCGGTAGCCG TAGCTGGATC AATCGTCTTT GTGGGTCTTA TCGTACCGAA TATTAGCAAA	1860
	CGATTATTAC CACCAAACTA TAAGTATTTA ATTCCTTTTA CTGCATTAGC TGGAGCAATC	1920
10	CTAATGATCA TTTCAGACAT TGTTGCTCGT ATAATAATTA AGCCACTAGA GTTGCCTATC	1980
	GGTGTCTGTTA CCGCTGTCAT TGGCGCTATT GTCTTAATCT ATATTATGAA GAAAGGACGT	2040
	CAACGCTTAT GACCGAAAAG ATTAATAAAA AAGACAATTA CCATCTCATC TTCGCGTTAA	2100
15	TCTTTTATAGC CATCGTTTCA GTGGTAAGTA TGATGATTGG TTCAAGCTTT ATACCATTAC	2160
	AACGCGTACT GATGTACTTT ATAAATCCAA ATGACAGTAT GGATCAATTC ACTTTAGAAG	2220
20	TATTACGCTT ACCTCGCATT ACACTTGCGA TTTTAGCAGG TGCCGCACTA GGAATGAGTG	2280
	GTTTAATGTT GCAAAATGTA TTAAAAAATC CAATTGCCTC ACCTGATATT ATCGGTATCA	2340
	CAGGTGGTGC TAGCTTAAGT GCTGTTGTCT TTATTGCATT TTTCAGCCAT TTAACAATAC	2400
25	ATTTACTTCC ACTATTTGCA GTATTAGGTG GCGCAGTTGC AATGATGATA CTATTAGTGT	2460
	TTCAAACGAA AGGACAAATA CGCCCGACAA CACTCATAAT CATCGGTATT TCGATGCAAA	2520
	CGTTGTTTAT TCGCTTGTC CAAGGATTAC TCATTACAAC GAAGCAATTA TCTGCTGCCA	2580
30	AAGCTTATAC ATGGCTAGTC GGAAGTCTTT ACGGTGCTAC GTTTAAAGAT ACAATCATTT	2640
	TGGGTATGGT TATTTTAGCT GTTGTGCCGT TGTTATTTCT TGTTATACCA AAAATGAAAA	2700
	TATCTATACT TGATGACCCT GTAGCGATTG GCTTAGGCTT ACATGTACAA CGTATGAAAC	2760
35	TAATCCAATT AATCACTTCT ACTATACTCG TATCTATGGC AATCAGTTTA GTAGGTAACA	2820
	TTGGSTTTGT CGGTTTAATC GCACCACATA TCGCGAAAAC AATCGTTCGC GGAAGTTATG	2880
	CTAAAAAGTT ACTAATGTCA GCAATGATTG GTGCCATATC AATTGTTATT GCAGACTTAA	2940
40	TTGGGCGTAC CTTATTCTTG CCTAAAGAAG TGCCAGCAGG TGTATTTATT GCTGCTTTTG	3000
	GTGCCCCATT CTTCATATAC TTATTATTAA CCGTGAAAAA GTTATAACGA TATTATTAAA	3060
	ACAAAATGAC CTCACAACGA AGTTAGCTAA ATGATTCACT TAACCTAACCG TTGCGAGGTT	3120
45	TTTTTATACA TATAGTTGTT GTTATTGTTA ACAAGCGTCG ACTTTCTTAA TTACATATTA	3180
	ATACTTTATA TACAAATAAC ACCGACTCAT ATTCTATAAT ATCAATCAAT ATTCTTCGAT	3240
50	TTTTCAAATA TCGATAACTA TTTCTTATTT AAATATAGTG TTTGATAATG TCATTTATTC	3300
	AAAAACACAA ATTTTAATAA AAATATCATA TTATTTTAA TTGTAAATTA TGGATTATTT	3360

55

ATATAATAAC CATGACAAAA TTAGAGATTT TATAATCATT GAAGCATATA TGtntCGTTT 3480  
 TAAGAAAAAA GTCAAGCCTG AAGTCGATAT GACTATAAAA GAATTTATAT TACTGACTTA 3540  
 5 TTTATTTTCAT CAGCAAGAAA ACACACTTCC ATTTAAGAAG ATTGTTTCAG ATTTATGTTA 3600  
 TAAACAATCG GATTTAGTAC AGCATATAAA AGTACTTGTG AAACATTCAT ATATTAGTAA 3660  
 AGTTCGAAGT AAAATTGATG AGCGTAATAC TTACATTTCA ATATCTGAAG AACAAChAGA 3720  
 10 nAAAATTGCA GAACHGTGA CATTGTTTGA TCAATCATT AAACAATTTA ACCTT 3775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 239:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1361 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 239:

AGAAAAATTA GCCTACCTAT GCAAGTTGTT ATTGCATTAG TGTTAGGTGT TGTCGTAGGA 60  
 CTTTTATTAT ATGGACAAGA AAACGTAGCA AATTACATTA AACCATTGG TGACGTATTT 120  
 25 TTAAATTTAA TTAAATGAT CGTTATACCA GTTGATTTT GCTCACTAGC GCTTTCTATT 180  
 TCGAACGTTG GGAATCGAA AACTGTAGGG CGTTATGGCT GGaAAACAAT TTTATACTTT 240  
 30 GAAATTATTA CAACAATCGC AATAGGTTTA GGGATTATCT TCGGTAACCT ATTTAAACCA 300  
 GGTGCTGGAT TAGACCCAAC AAAATTACCT AAAGGTGATA TTTCTAAATA TCAATCAACT 360  
 GCACATGCAG CAGAACAATC TACATATGGA AATCATTTTA TTGATACCAT TGTACATATT 420  
 35 ATCCGACAA ACTTTTTTGA AGCTTTAAAT AAGGGTGAAT TATTACCTAT TATCTTCTTC 480  
 GCAGTATTCT TTGGATTAGG ATTAGCTGCT GTAGGTAAAA AAGCAGAACC AGTTAAAGAA 540  
 TTTTAAAGCG GATCGCTTGA AGCTGTGTTT TGGATGATTA ATAAAATTTT AAAATTAGCA 600  
 40 CCACTTGGAG TGTTTGCATT CATTGTACT ACAATTATTA CATTGGTGC ATCCGCATTA 660  
 TTACCACTAT TAAAATTAGT ATTAGTTGTT GTCTTTGCAA TGGTGTCTT TGTATTCGCT 720  
 ATACTAGGAC TAGTTGCATG GATGTGTGGT ATTAATATCA TGAATATTAT TAGAATCTTG 780  
 45 AAAAGTGAAT TGCTTTTAGC ATTTTCTACA TCAAGTTCGG AAGCTGTACT TCCTGTAATG 840  
 ATGAAGAAAA TGGAAAACCT CGGTTCTCCA AAAGAAATTA CTTCTTTTGT TATACCAATT 900  
 GGTATACGT TTAACCTAGA TGGATCAGCA CTTTATCAAT CTATTGCAGC ATTATTCGTT 960  
 50 GCACAGATGT ATGGAATGCA CTTAACATTA TCAGAGCAAA TTGTGTTGAT GTTAACATTA 1020

ACATTAGGTG CCATGGGCTT ACCGGCACAA GGTTTAGCAT TAATTATTGG TGTGACCGT 1140  
 ATCTTAGATA TGGTACGTAC ATGTGTAAAC GTTATTGGTA ATGCATTATC AACAAATCGTT 1200  
 5 ATAGCTAAAT GGGAAAACGT ATATGACAAA GCAAAAGGTC AAGAATATTT AAAATCAATT 1260  
 TAAAAAATAC TATCTGACAT TTAAGnCCC TTACAACCTT TGGTgTnAG GGCTnTTTTA 1320  
 TGTTCATGCGT CTTAAAGCCA GGCCGTATAn CGGTAAGCGT A 1361

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 240:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1489 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 240:

20 TCAATATGTA AATCGGCGAT TGTCCCTATC tTCATACCCT TACCTTCTTT ACTCAAATTA 60  
 AAATGTTATT TATTATGCCA TaGCTTATCT AATATATATA GTTAACTGCT TCATTTAGAT 120  
 25 GATTATTTTA TATTTTTCGA TAAAACTTA TATCTTTTCA AAAAAATCGA TAAGTTTTAG 180  
 TTATCATACC CTTACCTATC AAATGTTTTT TCTTATATTT AAAAAAATAA TTGCTTTATT 240  
 AAATGGATTT CTTTAGTATT TATAATTAAG AAAACGCTTA CACACAACCT TTTTATTGTC 300  
 30 TTTATCCTGA GGAGGAAAAT TATGGCAAGA AAATTGCATA GAGAGTTGAA TAACAGACAC 360  
 ATCCAATTAA TAGCAATTGG GGGCGCAATT GGAAGTGGT TATTCCTAGG ATCAGGTCAA 420  
 ACAATATCTT TAACTGGTCC ATCACTGTTA TTCACATACA TGATTATTGG GGTGTACTA 480  
 35 TTCGCTTTTA TCGCGCATT AGGCGAATTG TTGTTGAGCA ATACAAGATT TAATTCATTT 540  
 GTTGATATTG CAAATGAATA TTTAGGCCCT TTTGGTGGCT TTGTCATTGG CTGGACTTAC 600  
 TGGTTATGTT GGATTGTATC AAGTATGTCA GACCTAACTG CGATGGGACA ATACTTTGCA 660  
 40 TTTTGGTATC CACAAGTCCC AAATTGGATT ACCGTGCTAT TTATTGTTTT AATCTTGATT 720  
 AGCTTCAACT TATTAGGTGC CAGATTATTT GGTGAACTGG AGTTTTGGTT CTCGATTATT 780  
 AAAGTTGTCA CAATTATTGC GATGGTTATC GTTGGTCTTG TATTAATCTT TTTCTCATTT 840  
 45 AAAACACATT ATGGACATGC ATCATTCACA AACTTAATCA GTCACGGTGG CATGTTCCCT 900  
 GGTGGAaCAT TTGTTTCTT AATGTCATTC CAAATTGCTG TATATTCATT CATTGGTATT 960  
 50 GAACTTATAG GTGTaACTGC TGGTGAAaCG AAAGATCCTG AAAAAACCTT ACCGAAAGCA 1020  
 ATTAATAATG TACCTATCCG TATTTTATTA TTCTATATCG GTGGTCTATT AGTAATTATG 1080

TTAATCGGCG TACCATTTCG AGCAGGTGTC GTTAACTTTG TCGTGCTAAC TGCCGCGGCC 1200  
TCTGCTACAA ATAGTGGTAT CTATTCGAAT AGTCGTATCT TATTCGGACT GTCACAACAA 1260  
5 GGGTTAGGTC CTAAAGTTTT AAATAAACG AATAGTCATG GCGTGCCTTA TTTATCAATG 1320  
TTAGTTTCAT CAATTGCATT ACTTATAGCA GCCTTGTTAA ACTACATTTT CCCTAATGCA 1380  
ATTCAACTAT TCATATACGT TACAACGTTA tCAACTGTGT TGTTTTTAGT TGTtTGGGCA 1440  
10 ATGATnATTG TCGCTTATCh AATGTATTTG GAAAAAGCAT CCTGAGGCA 1489

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 241:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5000 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 241:

TTTTCCATCA TrATcACCAT TTAAGACAA AGCTGTATGA CCATATCCTC CACCAAATCT 60  
TCCACTAAAA ACCACTAAGT CCCCAGGTTG AGCTTTGAAA GTTGGTGTGT TGTGATAAAT 120  
25 TTTAGCTTCA CTATTAAAAT TATTTGCATA TGTTATATCT TTAGCTCCAT ATCCTTTTAA 180  
TCCAKGACCA TAAAGAKGAT TCCAATATAC ATTAACATAA TCGAAACATT GCCATCCATA 240  
30 ACTACCGTCG AAATCCCATC CTCTATCTCT TAATGTTTTT AAATAATTTA ATGTACTGCT 300  
ATTACTATTA CTTTTATTAT TTGAAGACAC TGTTTTTGGT TTGGTTCTA CTAATGGTGT 360  
CATTGGCACT TTTAATTTTT GACCAATAAA TATTAAATTA GGATTGCTA TATTATTTGT 420  
35 ATTTTGAATA TTTGAACTG TAGTTTTGTA TTTTAATGCT ATAGCACTAA GTGTGTCTCC 480  
TTTTTTTACA GTATAGATT GTGTTTTTGG AGCTTCTCTA AACTGTAGT AACCAAAGTA 540  
ATTATTAGTA ACTTTATTCG TTTTCTCTCG ATTAGAATTT TGAGCTTCCA AGTTTGCAAT 600  
40 TTTAATTTCT TTAGTAAGTT CATTGTTATT AATAACTAGA TTGTTACCTT GGCTTGAGTT 660  
TTTCGGAGTA TTGAAATCT TTATATCTTG ATTAATTTCA TTTCCGTTTG AAATTGCTGA 720  
TTGTTGTCT AACTTTAAAC TTGTGTCCGA TGTTTTAACA GCACCTTCAT TTTTATTTT 780  
45 GTCTTTTGTC GTATTTTTAT TAGCATTTAA CTCTGATTC GCGAATACAT TTTGCTCATA 840  
CCCTCTTGTA AAATCTTTAG ATTIATCAAT TTCATCTGCA TATGCTTTGT TCGACATACC 900  
CAATGCCAAA AACATACCTA TTGAAATTGA CAAAATCCA ATACTAACTT TTCTAATTGA 960  
50 ATAGCGTACT TTACTTTGTT GTTATTTCAT GATGAAACAC TCCTTACAAT AATATACAAA 1020



## EP 0 786 519 A2

	GTAGGAGGTA AAATAATTAA CTGTCTTTC CAAAATATGA AAAGTGTACT AAAaTTCATC	1140
	GCACGACAAA TAGCCCATTT CCGATACTTT TATAAAGTAT GGAaTGGGCT ATAGCCATTT	1200
5	ATATCATCTT TTAACCTTTAT TTATTAACAG TTAATAATGA TTCATAAATA CCTGCTTCTT	1260
	TAGCAGCTTC AATTAATGTT GAACCAATTT CTGAAGGTGT TGCCGCTGTT TTCACACCAC	1320
	AACTATTTAA TGTTTTAATT TTCTCTTCAG CAGTACCTTT ACCACCTGAA ATGATTGCAC	1380
10	CAGCATGTCC CATACGTTTT CCAGGAGGTG CTGTTTGTCC ACCGATAAAG CCTACAACCTG	1440
	GTTTTGTGAT ATTCGCTTTA ATCCATTTCAG CTGCTTCTTC TTCAGCCGTA CCACCGATTT	1500
	CACCAATCAT AACAACTGCT TTCGTTTCGT CATCTTCATT GAATGCTTTT AAAACATCAA	1560
15	TAAAGTTTGT TCCGTTGACT GGGTCTCCAC CAATACCAAC AGCTGTAGTT TGACCAATAC	1620
	CTTCTTCAGT CAATTGGTGC ACTGCTTCAT ATGTTAATGT ACCTGAACGA GATACTACAC	1680
20	CAACATGACC TTTTTTGTGA ATATAGCCAG GCATAATACC AATTTTACAT TCATCTGCTG	1740
	TAATCACACC TGGACAGTTC GGACCAACTA AACGTGTTTT TCTACCTTGT AAGTAGCGTT	1800
	TAACTTTAAC CATGTCTAAT ACAGGAATAT GTTCAGTGAT ACAAATAACC ATATCTAAGT	1860
25	CTGCATCAGC TGCTTCTAAA ATTGAGTCTG CAGCAAATGG TGCTGGAACG TAAATGACTG	1920
	AAACCGTTGC CCCAGTTTCA TTTTGTAGCT CTTCAACAGT GTTGAAAACA GGAACGCCTT	1980
	CAACAACTTG ACCACCTTTA CCAGGCGTCA CACCTGCTAC TATTTTCGTA CCATAATCAA	2040
30	GCATTTGTTT TGTATGGAAA AGGGCAGTAG ACCCTGTAAT ACCTTGTAAC ATTACTTTAG	2100
	TATTCCTATC TATAAATACA CTCATCTTAG TGCTCCCATC CTTTCCTTAT GCTTCTTTGA	2160
	CTAGTTTAAC AATTTTTTGT GCACCTTCAG CCATGTTTGC TGCTGGTTCA ATTGCTAATC	2220
35	CTGAGTCTTT TAAGATTTTT TTACCTAACT CAACATTGT ACCTTCTAGG CGTACAACCTA	2280
	GTGGTAAAGT TAAATCTACT TCTTTTACAG CTTCAACGAT ACCTTCTGCG ATAACATCAC	2340
	ATTTCATAAT GCCACCGAAA ATGTTTACAA AAATACCTTT AACATTTTCA TCACCTAAAA	2400
40	TGATTTTAAA TGCTTCAGTT ACTTTTTCTC TAGTAGCGCT TCCGCCTGCA TCTAAGAAAT	2460
	TGGCTGGGTT TCCACCGAAA TGATTAATCG TATCCATTGT TGCCATGGCT AAACCTGCAC	2520
45	CATTAACCAT ACATCCGATG TCACCATCTA ATGCAATGTA TGATAAATCA TGTTTAGACG	2580
	CTTCAATCTC TTTTCGATCT TCTTCTCTA AATCACGTAA TTCTACAACA TCTTTATGTC	2640
	TGAATAATGC ATTATCATCA AAATTAATTT TAGCATCTAA TGCCAATACA TCACCATCAG	2700
50	CTGTTGTAACT TAATGGGTTG ATTTCTACGA TTGAACAATC TTTTTCATG AATACATTAT	2760
	AAAGTGCTAA TAAGAATTTA GCAGCTTGT TAACAGATTC TTTAGGAATA TTAATATTAA	2820

55

## EP 0 786 519 A2

AGATCTTTTC AGGAGTCTTC GCAGCAACTT CTTCAATCTC AGTGCCCCCT TCTTCAGACG 2940  
 CCATCAATGT TACTTGGTCA GTCGCACGAT CAATAACGAA TCCAACGTAA TATTCTTTT 3000  
 5 GAATAGCACA ACCTTCTTCG ATATATAAAC GCTTAATTTT TTTACCTTCT GGACCAGTTT 3060  
 GATGTGTAC CAAAGTTTTT CCTAATAATT CTTTTGCATA TGTTTCTACC TCAGATAAAG 3120  
 ATTTAGCAAT TTTTACTCCG CCTGCTTTAC CTCTACCTCC AGCATGAATT TGTGCTTTTA 3180  
 10 CAACATAAAC ATCAGAATTT AATTCTTTTG CTTTCTCCAC CGCTTCTTCA GCAGTAAATG 3240  
 CTACTCGTCC TTCTGGAACT GCAACGCCCA TTGAACGAAA TATTTCTTTA CCTTGATACT 3300  
 CGTGGATATT CATCTTCCAT CCTCCTGTTA CTTAGGTAA GTTCCCTTAC AATTATAAAA 3360  
 15 AATGTAAGCG CTATTGTAAA CTAAATGCT ACTTTTTTAT CATTTAATTG AATTTTACGA 3420  
 TTTACAGTAA CGATTTTATA GGTCAAAGC TTTTTCTATG CTCTTTCATA ATGCCAATAT 3480  
 CATCGATTGC TAGTAAATGT TGTTGGTAC CGTAACCCGC GTTTTTTTCA AAACCATATT 3540  
 20 CAGGATAATC TTTAGATAAC TGTGTCATAT AATCATCAG AAAAACCTTT GCCATGATAC 3600  
 TTGCAGCTGC AATGGACACA CTTCTGTCAT CACCCTTGAT TAAAGATACT TGAGGCAGTG 3660  
 CATTATCAAG CGTCATCGCG TCTATCAATA AATGCGTTGG TTGTACTGAT AATCCATCAA 3720  
 25 TAGCTCGCTG CATGGCGATT TGAGTAGCTT TATAAATATT AAATTCATCT ATTTCTTnCA 3780  
 GtGTCGCGAT CCCATATGCA AAAGCAGTAA CTTCATTTTT TAGTGCTTCA TTTAATTCTA 3840  
 30 GACGTTTCGT AACAGTACT TTTTTCGAGT CATCAAGGCC CAAATAATTG TGATTTGAAT 3900  
 TTAAAATTGT TGCGCATGCA ACGACTGGAC CTGCTAAAGG TCCTCTTCCA ACTTCATCAA 3960  
 TCCACAAAT AATAGCATTG GGATGCTCTT TTAATATTTT ATTTTCAAAG TAAGTCATTT 4020  
 35 CAACATACTT TTCTTTTAAA GCTTGTCTT TTTCTAACGC TTTTCTGCGC CTAGCTATGG 4080  
 CATTTTGAAC ACCTTTTCGC TCATCTAAAA AGCATTTCATG ATTTTCTAAT TCTTCTATTG 4140  
 TATTAACCGC ATTAATCAAC TGCGTAACTT CTTTAATTGT TAGCGTCATT TGCTAATTCC 4200  
 40 TCAGTCATAT CTTTAAAAAT ATCAAAACAA TAATTTCTTA TTTTAGCATT TCGAATATCA 4260  
 TAAATAATCA GTTCAATGAC TGCTTCGTAA TCAATTTTAT TACCACGTCG AATTAAGCCC 4320  
 ACGTTTTTTC CCTATCGCAT CAAACCACGC TATGATTTCT GCATCTTCAG GAACTTCAAT 4380  
 45 ATTATAATGT GACTTTAATC GCGCTAAATC ATTTTGAATT AAAAAGTTTA ATCCATAGAT 4440  
 GGCAACTTCA TCTAAGTGCA CAATACTATC TTTTATCGCA CCAGTTAAAC TCAACTTCTT 4500  
 ACCGACTTCT TCATCTTCAA ATTTAGGCCA AAGTATCCCT GGTGTGTCTA ATAGTTGTAA 4560  
 50 TGCATTACCA ACTTTAATCC ATTGTTGTTG TTTGGTCACA CCTGGTTTAT TACCAGTCTG 4620

55

AACGATCATT GCTCTTATCG CTCTAGGTTT AAGTCCTTTC GCITTTTCGC GTTCAAATTT 4740  
 TTCAGCAGTC GCCTTAATTG CTGCAGCTTC CACTTTCTTT AAATTTTAC CGTGCTTAGC 4800  
 5 ATCCACTGAT ACAGGATAgT AtCCTTTATC AATAAAAAAT tGTTCCCATTT TTGACATCTC 4860  
 ATTTAAATTA GACATATCTT TTTTATTTAA TATAACAACA CGTGGTTTTT GGTAAATAAC 4920  
 TTCATCTATC ATAGGGTTTC TTGAACTATA TGGAATCTT GCATCTACTA GTTCAAACAC 4980  
 10 TACATCTACT TTTTTTAATT 5000

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 242:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 242:

AACCCGnAGA CGAAACTnCA TAGTTGCCTG TTATGTTGAT TAGTGCGTTT GTAGCTATTT 60  
 25 nAAATCAAAC ATTATTAAAT ACAGCGTTac CTAGTATAAT GAGAGAATTA AATATCAATG 120  
 AAAGTACATC GCAATGGCTA GTTACTGGGT TTATGCTTGT TAATGGCGTC ATGATACCTC 180  
 TGACGGCATA TCTAATGGAT AGAATTAAAA CTAGACCTTT ATACTTAGCG GCGATGGGGA 240  
 30 CATTTTATT AGGTTCTATT GTTGCAGCCT TAGCTCCGAA TTTTGGAGTT TTAATGTTAG 300  
 CTCGTGTAAT TCAAGCGATG GGTGCAGGCG TACTTATGCC CTTAATGCAA TTTACGTTAT 360  
 TTACATTGTT CAGTAAAGAA CATCGAGGTY TtGCAATGGG ACTAGCAGGT TTAGTAATTC 420  
 35 AATTTGCACC AGCAATAGGA CCTACAGTTA CAGGATTAAT TATTGATCAA GCGAGTTGGC 480  
 GAGTtCCATT TATTATAATT GTAGGAATG CTATACTTGC CTTTGTtTTC GGTTTGGTTT 540  
 CAATCTCGAG TTACAATGAA GTGAAATATA CGAAATTAGA TAAGCGTTCA GTAATGTATT 600  
 40 CAACTATTGG GTTCGGGTTA ATGCTATACG CATTTAGTAG TGCAGGAGAT TTAGGATTTA 660  
 CAAGTCCAAT AGTAATAGGT GCGTTGATAT TAAGTATGGT TATTATCTAT TTATTTATAC 720  
 45 GTAGACAATT TAATATTACT AATGCACTTT TAAATTTAAG GGTTTTTAAA AATAGAACAT 780  
 TTGCATTATG TACGATTAGT TCAATGATTA TAATGATGTC AATGGTTGGA CCTGCGCTGC 840  
 TTATACCGCT ATATGTTCAA AACAGTTTAT CTTTATCTGC CTTGTTATCA GGACTTGTTA 900  
 50 TCATGCCTGG TGCAATAATA AATGGTATTA TGTCAGTTT TACAGGTAAA TTTTATGATA 960  
 AGTATGGTCC TAGACCATTG ATTTATACTG GTTTTACAAT TTTAACAATT ACTACAATTA 1020

GAATGTTTTT AGTTTCTTTA CTCATGATGC CGATAAATAC TACAGGAATT AATTCTTTGA 1140  
 GAAATGAAGA AATCTCACAT GGCACGGCTA TTATGAACTT TGGTCGTGTA ATGGCTGGTT 1200  
 5 CACTAGGCAC AGCTTTAATG GTTACATTAA TGAGTTTGG TGCAAAAATA TTTTATCTA 1260  
 CATCGCCATC GCATTTAACT GCAACTGAAA TTAACAGCA ATCCATTGCT ATAGGGGTGG 1320  
 ATATCTCATT TGCTTTTGTA GCTGTGCTTG TTATGGCAGC TTATGTGATA GCACCTTTTA 1380  
 10 TAAGAGAACC TAAAGAAATA GAAAGTAATA GAAGGAAATT TTAAATAAT TATAGTAGTT 1440  
 GGTCTATTTA AAATAATAGG CTAAGTCTT TTTTATTTA ATAAAAAGTT TTACTTTTT 1500  
 AGTGATAGAC TAAGCAAAA TTGTTATTTG CTATGATGTA GATGTCTTAA AATGATTAAG 1560  
 15 GGGGATTTGC TTTGTTAACG GTAGATCAAG TGAAAGAATT GGTAGGAGAA ATTAAGATC 1620  
 CTATTATAGA TGTGCCTTTA AAAGAAACAG AAGGTATTGT TGAGTTTCT ATTAAGGGAG 1680  
 20 AAnAAGAACA TGTGAGTGT 1700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 243:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 10146 base pairs  
 25 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 243:

TGCATCAACT TTCAAACAAT AAATCATCAC AATAACCACA CCTAATTCAA CACTTTTCAA 60  
 ACATAAGTAT TGACACATTG AGCAAAATGA TTTTAATTG TAACTAATAC AGTTACAATT 120  
 35 ATGAGGTGAG AAACATTGAA TTTAGAATTT AACATTGCCG TGCATGTATT AGCTTTTTTA 180  
 ACTAAGCATC aTTCAGAAAA ATTCAATAGT AGTTCATTAG CAGAAaTTAaC TTGTTTAAAT 240  
 CCTGTTCAAT TACGACGCGT GACGACTCAA CTTGTGCGATT TAAAAATGAT TGACACAATA 300  
 40 CGAGGTAAAG ATGGCGGTTA TTTAGCAAAT GATCAAAGTG CTGATGTCTC TCTAGCAACA 360  
 TTATaTAAAC ATTTTGTCTT AGAGAAAGAA CACCACACAC GTCTATTTAC TGGCGACGAA 420  
 GGCAGTCACT GTCAAATTGC TCGTAATATT GCAACTACCA TGTCACATTA TCAGCAAGAC 480  
 45 GAACAGAATA TCATTATTAA TTTTATAAT GGAAAAACAA TCAAAGATGT CATTGAAGAC 540  
 ATTCAAAGG AGGATTTATG TCATGAAAAC ATATGATTTA ATTGTAATAG GATTGGGAA 600  
 50 AGCTGGTAAA ACTTTAGCGA AATACGCTGC ATCAACAGGT CAACACGTCG CAGTTATCGA 660  
 ACAATCTCCG AAAATGTATG GAGGCACTTG TATAACATA GGATGTATAC CTTGAAGAC 720

	TGTTGTCAAT GCGCTAAACA ATAAAAATTA CCACTTATTA GCAGACGATA ACAACATTGA	840
	TGTACTGGAT TTAAAGCGC AGTTTAAATC TAATACTGAA GTGAATTTAT TAGATCAACA	900
5	TGACGATATC GTCGATAGTA TTAAGTGCACC TCATATCATT ATTAATACCG GTGCTACCTC	960
	TGTCATTCCCT AACATTAAAG GCCTTGATCA AGCTAAACAC GTCTTCGATT CGACAGGTTT	1020
	ATTAAACATT AGCTATCAAC CTAAGCACCT CGTTATTGTA GGTGGCGGTT ATATCGCCTT	1080
10	AGAATTTGCT TCAATGTTTG CGAATTTAGG TAGTAAGGTA ACAGTATTAG AACGTGGCGA	1140
	ATCATTATAG CCACGCGAAG ATCAAGATGT CGTTGCATAT GGTATTACTG ACTTAGAAAA	1200
15	TAAAGGCATT GCATTGCATA CAAATGTTGA AACGACTGAA TTGTCATCTG ACAATCATCA	1260
	TACAACAGTC CATAACCAACG TTGGTAACTT TGAGGCTGAT GCAGTACTTT TGGCTATCGG	1320
	GCGCAAACCG AATACGGATT TAGCTTTAGA AAATACTGAT ATCGAATTAG GCGACAGAGG	1380
20	CGAAATTTAAA GTCAATGCTC ATCTTCAAAC AACTGTGCCG CATATTTATG CTGCAGGTGA	1440
	TGTTAAAGGC GGACTTCAAT TTACGTATAT ATCTTTAGAT GATTATCGAA TTATCAAATC	1500
	AGCGTTATAT GGTAATCAGT CACGTACGAC TGACAATAGA GGCAGCGTGC CTTATACAGT	1560
25	ATTATAGAT CCACCATTAT CACGTGTTGG ATTAACTAGT AAAGAAGCTG CCGCTCAACA	1620
	TTATGATTAC ACTGAACATC AACTTTTAGT AAGTGCTATA CCTCGTCATA AAATTAACAA	1680
	TGATCCAAGA GGTTTATTTA AAGTAGTCAT TAATAATGAA AATAATATGA TTTTAGGTGC	1740
30	TACATTATAT GGTAAGCAAT CTGAAGAATT AATTAATATA ATTAACTTG CGATTGATCA	1800
	AAACATTCCA TATACCGTAT TACGAGATAA TATTTATACG CATCCTACGA TGGCCGAATC	1860
	ATTTAATGAT TTATTTAATT TCTAGACAAA ACATAAAAAC CTGGTGGCAC GCATTGAATG	1920
35	ATGCTGCCAT CAGGCTTTAT TGTGTGCTT TTCGCTTTTC TAATTTTCT TTAAGCTTTC	1980
	TATCTGTGTTT TTCTTTACGA CGTTTACGTT CTTCATGTCTG TTTCTTAAA CGCTCTTCTT	2040
	CTTCAGGATC ACGTGGTTTC TTTAATTGTT GAGAACTTT TTCGATTAAT TCTTCTCAG	2100
40	TAAGCGCagc CAGTGGGCGG TTATTAACAA AAGTGAATGT TTTTCGGCGT CCAGGTCCAC	2160
	AATAAGATTG ACAACCTATC ACGATTTTCTG CATCGGGATC TAATTTTCC AACTTCTTTT	2220
45	GTAACGTTCT TATATTGACT GCCTGACATT CATCACAAAT AAGGAATGTA TTTTTCATAT	2280
	TGCTACCCAC CTTTCTTTAT CATATCTATA TCGTGGATTT CATTAAATTTT TTCGTTAACT	2340
	CTATCTATTT TACTCTTTTT AATATTTTTT TCAAGATACG TAACACGGCT GaCAATAAAA	2400
50	AATGGAGCAT TTATCTTCTA ATTAAATTAG ATGaTTGCTC CCCTATCAAA TCATTTATTG	2460
	CCCATGATAA ATATTAAATT TTAATGGTTT AATACCATGT TTTGTCCATT CATCATAAAT	2520

55

	TGATGTTTTA GATGCGCCGT GATACTTTTC AGCAATATCA CACAAATATT TTAGCTTTTC	2640
	AGTTTCTATA TCAACTGTAG CTTCTTTATC CATACGTTGA ATAATTGTAC GATTCTGACG	2700
5	CACCATCTTT TGCACACCTT TAATGTTATT TGTTTTAAAA GCATGAATAA GTTTTCAAC	2760
	ACAACGATGT GAATCTTCTA AGAAGTCACC GTAAATGAA GGATCTGATT TCAAACGTTT	2820
	CACTTCGCTA ACAAAGTGTG GTGATGACGC CGGTGAGCCA GTCCAACCGA TAAGTACTTC	2880
10	CATATTTTCA GGTGCTTGTA ATGGTTCGAT GTGCAATCCA GGCCAGTTTT TGATTAAAC	2940
	TTCTTCAACC GTAGTATCTT CAATTTGATG CTTAACCCAT TCATGATCAA AAGTACTATA	3000
	CGCTAGCCAT CCACTATATA CACTCACAGC AATATCTCCG CATGAACTTA AACTTTGTAA	3060
15	CTTCATATTT GCAATCACTG CTAGTTTATA AATGTATAAA TTAGATAACT TCATATCATA	3120
	AAATTCATTT AATACTTTTA TAACTGACAC AAGTACTGCT GCACTTGAAC CTAATCCATA	3180
	TTTATGACCA TTGAATCAT CTAAATTACT ATCAATAGTC AGATGAAAAT GCTTCATCGC	3240
20	TATATCGCAA CTTTTCGCGT ATTGTTCAAA TATTTCAATA GCTGTGACCA CATAATTTAA	3300
	TTGTTTTGCT GcATGTGGAT CTGAAATGAC AATACTATCT TCATCTCTAC TAAATGTAAC	3360
25	TGGGTTATGA TGTAATGCTT TTGAATGAAT GGTACCTTTA TATTGGTCTG CTTCTTCAAT	3420
	AGTAGCAGTT ACAAACGAT CTAACGCAAT AAGTACAGAT TTATATCCTG GTTCTGTTAC	3480
	AGCATATTCT CCAGCAATAT AAAGTTTTCC GGGTGCTTTG ACCTGAATCA TTTTATCTCT	3540
30	TCCTTACTCA ATTATTTCAA TTCCTGTGGC AATAATGTCA CTATCAATAA TTTGGTTATT	3600
	ATCAAACGTG GTTAATAATT TATCTATAAT CTGTTGCTTG TTTTCTTTT CTACAAGTAT	3660
	TTTCACATTA GGTCCCGCAT CCATTGTAAA ATAACACGGA TACCCCGCTT CTCGGCATT	3720
35	GTGAACAAGC GCCATGACAT CATAACTTTC TTGCACAAGA TATGTGAACG GCGGTGTTGA	3780
	TCCTTAGATTG GTGGCATGCA TACGCAAACC ATTTCTTCA ATTACTTCAC CAAGGCGTTT	3840
	AAAATCTTTG TCTTGAATCG CTGCTTTTGC TTCAGCTAAA TCTTCATCAA TATGATCTAA	3900
40	CCAATATTGA TAAAACCTTG ATGTGTTTCG TGTCAATGAC ATACCATATC GACTAGGTAC	3960
	CTTTTTAGAA TGTGATTAA TCACAACAAA TATCATGGCA AGGTCATCTT CAAAATGATT	4020
45	CGATTCAAGT GGAACGGCAT ATGACGTCTC ATCACTATAC CCTTTTCCC ATTCTGCAAA	4080
	TCCACCATAA ATACTACGCG ACGCAGAACC CGAACCAATT CGCGCCAATC TCGATAAATC	4140
	CTTATCTGAC AGCTGCATGT CTAGCGCTTG ATTACAAGCT GCTGCTAAAG CTGCATATGC	4200
50	GCTTGCCGAT GAAGCCAACC CTGCTGCTGT TGGTACAAAA TTGTCGCTTT CAATTTCTGC	4260
	ATACCAATCG ATGCCAGCTC TATTTCTGAC AATATCCATA TATTTGAAA TTTTCTCTAA	4320

55

AAAAGTGACT TTCGTTTCAG TGTA AAAATTT TTCTAATGTA ACAGATATGC TATTATTCAT 4440  
 TGGAATGATT AGTGCTTCAT CTTTTTTACC CCAATATTTT ATAAGTGCAA TATTCGTATG 4500  
 5 TGCACGTGCT TTGCCACTTT TAATCAACGC ATTAACCTCC TAAATTCTCA ATCCAAGTAT 4560  
 GTGCTGCACC AGCTTTTTCT ACAGCTTTTA CAATATTTTT CGCTGTTGGT AAATCTTTGG 4620  
 CAAGCAATAA CATACTTCCA CCACGACCAG CGCCAGTAAG TTTCCAGCA ATCGCACCAT 4680  
 10 TTTCTTTACC AATTTTCATT AATTGTTCTA TTTATCATG ACTAACTGTC AACGCCTTTA 4740  
 AATCCGCATG ACATTCATTA AAAATATCCG CTAAGGCTTC AAAGTTATGA TGTTCATCA 4800  
 15 CATCACTCGC ACGTAAACT AACTTACCGA TATGTTTTAC ATGTGACATG TACTGAGGGT 4860  
 CCTCACAAAG TTTATGAACA TCTTCTACTG CTGTCTTGT TGAACCTTTC ACACCAGTAT 4920  
 CTATAACAAC CATATAGCCG TCTAACTTA ACGTTTTCAA CGTTTCAGCA TGACCTTTTT 4980  
 20 GGAACCAAAC TGGTTTGCCT GATACAATCG TTTGCGTATC AATACCACTT GGTTTACCAT 5040  
 GTGCAATTG CTCTGCCCAA TTAGCCTTTT CAATGAGTTC TTCTTTCGTT AATGATTTCC 5100  
 CTA AAAATC ATAAC TTGCA CGAACAAAAG CAACCGCGAC AGCTGCACTC GATCCTAATC 5160  
 25 CACGTGATGG TGGTAAATTC GTTTGGATCG TTAGTGCTAG CGGCTCTGTA ATATTATTTA 5220  
 ATTCTACAAA ACGGTTCAAC AAAGACTTAA GATGGTCAGG CGCATCATAT AACATACCAT 5280  
 CGTAAACATC GCTTTTAATA GACGAATAGT TCCCGCTCTC TAAGGCTTCT ATTA AAACTT 5340  
 30 TGATTTTACC TCGGTTAAAC GGTACTGCAA TAGCAGGCTC TCCAAATGTA ACAGCATGTT 5400  
 CTCCTATTAA AATAATCTTA CCTGTGCGATT CCCCATATCC TTTTCTTGTC ATGTCAATAT 5460  
 CACCTTTTAT ATTTATCCTA TACTTGATT CATTATTTTA TTTATTAGTA AAAGACATCA 5520  
 35 TATTCTAAGT TGCAATngCAT TCGCGTTAAA TTTCATTGCA GTCTTTATCT CACATTATTC 5580  
 ATATTATGTA TAATCTTTAT TTTGAATTTA TATTTGACTT AACTTGATTA GTATAAACT 5640  
 AACTTTTCGTT TACTTCAAAG TTTAAATCTT ATCGAGTGAT ATTTCAAGATT CTTTATCTTT 5700  
 40 TTATAAAATA GCCCTACAAT TTATAATTTT CCACCCTAAC TATAATACTA CAAATAATAA 5760  
 TTGGAATATA TAGATTTACT ACTAAAGTAT TAGAACATTT CAATAGAAGG TCGTTTCTTT 5820  
 CATAGTCATA CGCATTATAT ATACCCTATT CTCAATCTAT TTAATACGTA AAACATGAAA 5880  
 45 TTTTCTTATT AAATTTATTA TTTCCATCAT ATCATTACTT TTAATTTAAT GATGTTCAAT 5940  
 TTAAATATTA GGTCAATAAC ATATTTATGC TTTTATGGA TACTTTCAAA AATAACAGCC 6000  
 50 CCAAACGATA ACTTGAAAGG GGCTGTAAA TATTTAACTA TTGCATTGTA TCTATCATTT 6060  
 TCTTGTTTCT TTCAATCATT TTATCAAAAT ACGTATCGTA TCTTGCCAT TCTTCTTGAG 6120

55

## EP 0 786 519 A2

TTACATCTTG AACAGTAATC GTTTTGTTAA GCAATGTCTC TAATGAGGCC ATACAAGATG 6240  
 GTTCAATTTT AGGATATTTA AATTTAGTCA CTTACCTTT TAAAGCATGT TCATAAAATG 6300  
 5 TTTGCATCAT CAATGCACGT TCTGAACCAG AGCCTTCAAC ACAAAGATAA ATTTGTACAG 6360  
 CAATACCGCC TCTAACTCTT CGTTGCGATA TGCCTGCAAA TTTCTTACCA TCGATACTTA 6420  
 AGTCAAATTT TCCTGGGCAA TAAGAATGTT CAATTTCCAT CGTATCAATA TCAACATTCT 6480  
 10 CATTTTCGAA CATTTTGCTA ATTAAGAGGT ACATCACAGT AAACGCTTCA TCAATCGTTG 6540  
 TTTCTGTTTG TCCTTTGAAC ATCAGCGATA TATTTAATAC ACCTTGATCT AGAACGACAC 6600  
 CTAAGCCACC AGAATTTCTA ACAATGGCAT TATAACCAAT CTCATTCTGT AAATAATCAA 6660  
 15 TGCCATCTTT TAAAAACGGC AATCTTGAAT CATGAATACC AAGAATAACA GTATGTTGAT 6720  
 GAATCCAAGT ACGCACAACA TTATCTGATA TATCTTTGCC CACACTTTTCG CAAAATGTAT 6780  
 CATCGAATGC GAAAGATTGC ATAGTTTCTA ATCCAGAAGA ATGATCGATA TATCGCCAGT 6840  
 20 TGACGCCATT AAAATATTTA CTCGCTAAAT CCATCGTTAT TGTAAGGCTT GCGCTGCTGT 6900  
 AATAATTGAA AGATTGTATA CATCTTCAAT TGAGCAGCCA CGTGATAAGT CATTTACTGG 6960  
 AGAATTTAAA CCTTGTAATA CTGGACCAAC TGATCATAT CCACCTAAC GTTGTGCAAT 7020  
 25 TTTGTAACCA ATATTACCAG CTTCTAAACT TGGGAATACA AAGACATTG CATCACCTTG 7080  
 TAATTTAGCA CCTGGCGCTT TTTCTCAGC AACACCTGGT ACAATCGCAG CATCAAATTG 7140  
 GAATTCGCCA TCAATGATTG CTTCTAATTT TtCTTCTTCA GCTTTTtGTT GTGCTAATTT 7200  
 GACAGCTTCT TGAACTTTTC TCACGTCGTC TGATTTAGCA GACCCTTTTG TTGAAAAGCT 7260  
 TAACATTGCA ACTTTTGGAT CCATGCCAAA GCTTAATGCT GATTTTGCAC TTTCTACTGC 7320  
 35 AATTTCTGCA AGTCCTTGTG AATCAAGTTC TGGATTGATT GCACAATCAC CAAAGATGTA 7380  
 TTGTTTCATCA CCTTTAATCA TAAAGAAGAT ACCTGATGTT CTTGATACAC CTGGTTTCGT 7440  
 TTTGATGATT TGTAAGCTG GACGCACAGT GTCGCCTGTT GAATGTGCTG CACCACTAAC 7500  
 40 TAAACCATCT GCTTTACCAG CATAACAAG CATTGTACCG AAGTAGTTCA CATTGTTTAA 7560  
 TAATCTTGT GCTTGTTCTT CAGTCGCTTT ACCTTTACGT CGTTCAACAA ATGATTGAAC 7620  
 TAATTCAGCT TTCAATTCAC TTGTCGCAGG ATTAATTAAT TCAATATTAG AAATATCAAG 7680  
 45 ATCAAGTTTT TGCGCTAAAG ATTGAACCTT AGTCTCATCA CCTAACACGA TTGGTGTAAC 7740  
 ATAATCTGTT GCTTGTAATT GTGTTGCAGC TGTTAGAACA CGTTCGTCCT CTCCTTCAGG 7800  
 TAATACGATT TTAACGTTTT TACCAGAAAG TTTGTCTTTT AATACATTTA ATAAATCAGC 7860  
 50 CATAATGTCC TCCTGTAATA TAAATCTTAT TAATCATTC ACGTATAATT ATACGCCATT 7920

55



	TATGATAAAA TTTATAAAGA ACTGATGATT TTTGAAAAGG AGCGATAAAC ATGAGTCAAG	8040
	CAGCCGAAAC ATTAGATGGT TGGTATAGTC TACATTTATT TTATGCAGTT GATTGGGCAT	8100
5	CATTACGTAT AGTTCCAAAG GACGAACGCG ATGCACTTGT CACTGAATTT CAATCATTTT	8160
	TAGAAAATAC AGCAACTGTA AGATCATCAA AATCTGGTGA TCAAGCTATT TATAATATAA	8220
	CTGGTCAAAA AGCAGATTTG TTATTATGGT TCTTACGTCC TGAAATGAAG TCTTTAAATC	8280
10	ATATTGAAAA TGAATTTAAC AAATTGCGCA TTGCTGACTT CCTAATCCCT ACATATTCAT	8340
	ATGTATCAGT CATTGAATTG AGCAATTATT TAGCTGGTAA ATCTGATGAA GATCCTTATG	8400
	AGAACCCTCA TATCAAAGCA AGATTATACC CAGAATTACC ACATTCTGAT TATATTTGTT	8460
15	TCTATCCAAT GAACAAACGT CGTAATGAAA CTTATAACTG GTACATGTTA ACTATGGAAG	8520
	AACGCCAAAA ATTAATGTAT GACCATGGTA TGATTGGTAG AAAATATGCT GGCAAAATCA	8580
20	AACAATTTAT TACTGGTTCT GTAGGGTTTG ATGATTTCGA ATGGGGCGTA ACATTGTTCT	8640
	CAGATGACGT ATTACAATTC AAAAAAATTG TATACGAAAT GCGCTTTGAT GAAACAACAG	8700
	CACGATACGG TGAATTCGGT AGTTTCTTTG TAGGACATAT TATTAACACA AACGAATTCG	8760
25	ATCAATTCTT TGCGATTTCT TAATACATTG GTACGTTTAT AAATTAATAA AAAAATTCCA	8820
	AGCTTATCGG TTTAAGCTTG GAATTTTTTCG TTTATCTTCA GTATATTCCC GTATACATAA	8880
	GACGTGATTT GGTAAATAGT TGAAATCTGT ATGTTTAAAC TTATATATAT GTGCTAATGT	8940
30	ATTATCAATA ACAAAGtACA CTTTGCTCAT AGCAAgTsac CCGAgTAGTC TTCCTTGGA	9000
	GAACTTTAAC TACTATCACT ACATATAAAC GTTAACCTCA ATAGAAATTA TACAGTCGCT	9060
	ACTCTATACA ATTTTTGTAA TGGTTAACTA ATATTATTTT AACCTATTTG AAATATTTGA	9120
35	AACATATTTT TGTCGAATTT TTTTCAATAA TTTTTCCTTT TTATACTTCA AGAGAATTTT	9180
	AACTACTAAA AATTCGGATG ATTATTATTA CAATAGTATC AAATATTAGT TTTTAAAAT	9240
40	CAATAACAAC TTATCAAAAA GCTCATGTGG TTATTTTATA GTGTATAAAC TATAATGAGT	9300
	ATTAAATTCT TATAACAAT GGTGATGAAA TGGACATAAA TTCAGAAGAA TACAAACAAG	9360
	AGGTACTTAT CAAAGACGTT GTCATGCTTG CTGCTCGCAT ACTATTAGAA TCTGGTGCAG	9420
45	AAGGTACGCG TGTAAGAT ACCATGACAC GTATTGCAA AAAACTTGGT TACAGTGAAA	9480
	GTAACAGCTT TGTTACAAAC ACTGTCATCC AGTTTACGTT ACATTCGGAA TCGTTTCCTA	9540
	GAATATTTAG AATTACCTCT CGAGATACAA ACTTAATAAA AATTTCTCAA GCTAATAAAA	9600
50	TTTCGCGTCA AATTACAAAC AATGAAATTT CTTTAGCCGA AGCAAAAACG CAACTTGAAA	9660
	AAATATATGT TGCTAAGCGT GACAGCAGTC TTCCCTTTAA AGGTTTTGCT GCAGCAATGA	9720

55

TAGCAGGTAG TCTAGGATAC CTAGTCACTG AGATTTTAGA TCGTAAGTWA CACGCACAGT 9840  
 TTATCCCAGA ATTCaTTGGT TCaTTAGTTA tTGGGATTAT CGCCGTTATT GGACATACAC 9900  
 5 TTATTCCAAC AGGTGACTTG GCAACTATTA TCATTGCGGC AGTCATGCCT ATTGTTCCCTG 9960  
 GTGTATTAAT AACAAACGCA ATACAAGATT TATTTGGTGG ACACATGTTG ATGTTACAA 10020  
 CGAAATCATT AGAAGCATTG GTTTnGCGTT TGGCATCGGT GCTGGCGTTG GTAGCGTATT 10080  
 10 AATTTTAGTA TAGGAGTATC AGACTATGTT TTGGATCTTA AACTTTATCT TTAGCTTTT 10140  
 AGCTTC 10146

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 244:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2022 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 244:

25 ATTTAATTGG TTGGTGGCGT ATTCTCnTTT CCAAGATTTG CCACGATTGG ATGTTCAGTC 60  
 GACAAATATG TAACCAGTCC CGATAAATTA CGTTCCTCAA TCATTGATAG TATGTCTGGT 120  
 GTTTGTAACG ATTTATCGAG TAAGGCATCA AGCAATTGAT AATGTCCCAA TACAACAAA 180  
 30 TGCACGTTGT CTCTCAACTG CTGTTGAATA AACTGAATAA AGAGCTTTAA GCTCTGTTGC 240  
 ACATTGCTA ATGATGGTGC ATAGTTTTTC AAACCAACTT GTACAGCCGC TTCATTATTC 300  
 CGAATGATTA AACCTGTGTA TGCCACTTTT GTTGCTGCAG TTGGATACAT TGAGTAATAA 360  
 35 CGCAATAATT GATCTGTAAA ATCATTTTGA AGTGCATAAA TTTGATGCTC ATGTTGCCAA 420  
 AAATfTCGCT CACCCATCTG CTgCAAATCC TCATGGTTCA ATTGTTTCCA GTCCAACTTT 480  
 TCAACCACAC TAAATCAAC TAACTCATAA TCCGCTTTAT TAAATATTT TAAAATGCT 540  
 40 GTTTCGATT CTTTAAACGC AATTAATTGT TCTGnATTAT TCACTCGACC ACCCTTTACT 600  
 TTCAATACTG TATTTAAAAT CACTTGGTAT TTTCGTTGTT TGCTTTACTT CTCTACCACG 660  
 CTAAAGTGTA ATATGATTAA TAACCTATCA TTTTtagCAA TACATTACAA CCTTTTTAG 720  
 45 AAAATTCGGT GTATTGATTT TAAATTTTT TAAATAnAA AAGGCAAGAC ATTTGTGCCT 780  
 ATAAAAATGC TTAACCAAGA TTTTATATT GaAGTTGTAC TTCTTGACA TATTGTCCTT 840  
 GCCTTATTAT GTAAAGTTAT TTTCTTTCTA TCTTTTIATT AAATTTAACT ATTCTTCATA 900  
 50 ATCCCGATTG CCTTTAAAGT AACGTCTATC TTGTTTACTA TATACATTTT CAGGATTAAA 960

TTGGTAAACG TTCGTTGCTG ATATATCTGT AAAATTGTTT GGACCGACAC CTGCAATAAA 1080  
 CTAAACTCT GCTTCATCTA CCAAATAATC ATACGCTTGT GTATGTCTAT CCTGTGCGCC 1140  
 5 ATGTGGAAAT ACAAACATAT CTGTTTTACC TACAATTGGT TCAACTTCAT CTTCCATCT 1200  
 TTTAGTATCA CGTTTAATAC CTTCTAAAGA TGTTTTTTCA AAATTAATGT GACCATATGA 1260  
 ATGACTCGCA AATGACCATC CATCCCGTTT CATTGCGCGA ACAACTTCCT CAGCTGCCTT 1320  
 10 TTTATTCTTT GTATAATCTT TACTCGTTAA TTCATTCTGT CGATAACCTA ATACGCCCTC 1380  
 ATAACCGGT AAAGCAACAA CACCTTTTTT ACCATTAA GAAAAATCTG GATGCTCTTT 1440  
 15 TACAAATTTA TTTAAATG GCACGATATC ATTGTCATCA GAATAAGTAG CATGGCCTTT 1500  
 TTTGTCTGTA GTTTCAGAAA CAACATGTTT ATTTTATCG AGTACTAAAC GGTCAGCATA 1560  
 ACCATGGTGT CTCATGTAAC TATAGTAATT CATATCATCA ATTGAGATGA TTAGTGGCTT 1620  
 20 TTTACCTTTC GGCAATTTTA TTTTTTTGGC TTTTACATGA TGAGATGATA AGTCGTATAC 1680  
 ATCATGTGGA TTAACGATGA TGTAATTATT TTTATATAAT TCGTTCAATG ATTTTTTAA 1740  
 TTCATTACA GTAATCATCC AATCATTGTT GCCCTTAGCT TGGTGTGTAT CTCCTGTAA 1800  
 25 CGCAACTTTT GGGTCTGTAA TTAATGGGTG ATAAACACA TGATAAACTT GGCCGTGATA 1860  
 TGTTTCCCAA TGTTTCATCA TTTTcGATTT aTGCTTTGCA TACTCATTG GATTAACAGA 1920  
 TTTATTkTGA GCTTTCTCAT TTTGCTTGGA ACAGCTATAT mACAATGCAA CTGATAATAA 1980  
 30 CAGAAAAAAT AGCAATAAAT ATTTTTTATG CATTAAACAT TC 2022

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 245:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35 (A) LENGTH: 1340 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 245:

ATAGAGTGAT AAAGGATGGT TGTCATATGA TAAATGCAGT AGTAATAGCA GTAATTTTAA 60  
 45 TGATTGTGCT ATGTTTATGT CGATTAAACG TnTTATTAAG CTTATTTATC AGTGCGCTAG 120  
 TTGGTGGCTT AATTCAGGC ATGAGCATTG AAAAAGTTAT AAATGTATTT GGGAAAAATA 180  
 TAGTCGATGG TGCTGAGGTA GCATTAAGCT ATGCTTTATT AGGTGGATTT GCAGCATTAA 240  
 50 TTTCATACAG TGGTATCACA GACTATTTAG TAGGAAAAAT TATAAATGCA ATTCACGCTG 300  
 AAAATAGTCG ATGGTCAAGA GTTAAAGTCA AAGTGACAAT AATCATTGCA TTATTAGCTA 360

55

CACCATTGTT AAGTCTGTTT AATGACTTAA AAATAGATAG ACGTTTAATC GGTTTGATTA 480  
 TCGGTTTTGG TTTATGTTTC CCGTATGTGT TATTACCATA TGGATTCCGT CAAATTTTCC 540  
 5 AGCAAATTAT TCAAAGTGGC TTGCAAAGG CAAATCACCC AATTGAGTTT AATATGATTT 600  
 GGAAAGCAAT GCTTATTCCT TCAATGGGGT ATATTGTTGG CTTACTTATC GGTTTATATG 660  
 TATATCGTAA ACCACGTGAA TATGAAACAC GTAAATTTTC AGATAGTGAC AATGTTACAG 720  
 10 AGTTAAACC ATATATCTTA ATAGTAACAA TTGTAGCAAT ACTAGCTACA TTTTATGATC 780  
 AAACATTTAC AGATTCAATG ATTTTGTGTG CACTGGCAGG GGTACTCGTA TTCCTTATTT 840  
 CACGTGCATA TAATTGGTAT GAATTAGATG CTAAGTTTGT TGAAGGTATT AAAATTATGG 900  
 15 CTTATATTGG TGTAGTTATT TTAACAGCAA ATGGATTGTC TGGTGTAATG AATGCTACTG 960  
 GTGATATAGA TGAATTAGTT AAAACTTTAA CAAGTATTAC TGGTGATAAT AAATTATTTA 1020  
 GCATTATCAT GATGTATGTG ATAGGTTTAA TTGTCACCTT AGGTATTGGA TCATCATTTG 1080  
 20 CAACAATTCC TATTATCGCA TCATTATTCA TTCCTTTTGG AGCGTCAATT GGAAGTATGA 1140  
 CAATGGCATT AATCGCATTG ATTGGAACAG CGAGTGCATT AGGTGACTCA GGTTCGCCTG 1200  
 CAAGTGATTG AACATTAGGA CCAACTGCGG GATTAAATGT TGATGGCCAm CATGATCATA 1260  
 25 TACGTGATAC ATGTGTACCA AACTTCTTGT TTTATAATAT TCCTTTAAAT GATTTTCGGT 1320  
 ACTATTGCTG CTATGGTACT 1340

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 246:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3365 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 246:

CAAAATCTAA GAGAATAAaA TTTGTTAATT TnAAATAGCA AGCAATTCAA AGTTATATGT 60  
 GTAATAGATA AAATAGATAT CCCTATAGTG ATGCGTTACT AGCTAAACAT AATAACACAT 120  
 TAGAAGATAA TGAAGTTAAG GAGTTACTGG ATTGTTTCGA CTATGTAATT AAGTATAAAA 180  
 45 ATATCCAACG ACAAACGTA ATTATAAAAT GGTAAAAGCT ATGGTACAGT TTCAAATTGC 240  
 TAATGACATG CGTATCGGTG AGCTACTTGC AATAAAGAGA GTAAATATAA ACTATGAAGA 300  
 TAAACGCTA GATATCGACG GTAAAGTTAA TTGGATAACT GAAAAAGAC GGGAGCATTG 360  
 50 GGAGTAAAGG AGACAACTGA AAGAAGTAAT AGCTATAAGG CCACAGGGCT CACTACCCAA 420

	TATTCACAAA TACGTCTGGT AGCCCTATCG ACTCGAACAA AATTAGCCAC ATTATTAAAG	540
	GGGGGCGCTG ATATTAGTTC TATTAAGAAA CCTATAACGA CGCATACATT ACATCATTCG	600
5	CATATATCTA CACTTGCTCA ATTAGGAATT AACTTAAAAG CAATGCAAGA GCATGTAGGT	660
	CATTCAGATT ATAAAArAAA TCTAGAGATA TACACACATG TTACTAATCA GATGGCGAAA	720
	GATATGATGA ATAAATTTGA ACGATTGGGG AGTTAAAATT GGAAAAAGAT GaTACACTAG	780
10	CAGAAATTAA GCCTATGCTC AATTTTGATG AGCAAATAGC AAAATTAAAA CAGATGAATA	840
	TATTTTTTAA TATTATTGAC ACCGAAAAAG CAAATGAAAT TCTTAGAAAA AATAATTACT	900
15	TCTTCAAAC T wGcTTATTTC CGaAAAAATT TCGrAAAAAA GaATGGCGGC TATTTCATAG	960
	AATTTGCTTA TTTATCAGAT TTAGCAACTA TAGATATGaa ATTAAGATAC ACAATGTTGC	1020
	ATTTAACTTT AGATATTGAA CATAGTTTAA AGTATCTAGT CTTAAACTA ATAACAGAAA	1080
20	ATAACCAAGA AGATGGTTAT AAAATAATAG ATGAGTTCTT ATGTATTGaT AAATCATATA	1140
	GCAATTCAAA TTTTGACACA AATTCAAGAA CACCAGAAGA AGTTATGGAA ACCAAAATCA	1200
	AAAATAAAAA CGAAATATTC AAGCATATGA ATAAACGAGG ACAACTACCC GAGAAGTTGa	1260
25	ATAAATACTA TCmAAATCCA CCCGcnnGGk TTTGCaTTGr ATTCATGCAA CTAGGTCAAT	1320
	TCGTTTCGTT TCTCAACTTC TATTACAAGA AGTACAATGA CGAAGAATTG AGAGTTGCTA	1380
	ATATTTTAAT GCCTTTAGTT AAAAATATAA GAAaCAAATC AGCTCATAAC CAACCCATCA	1440
30	TAGCAATCT AAATTATGAC AGTAGATTAC CTCAATATTT ATTTGAAAAA GGGAATAATA	1500
	TAGGCATATC TAGAAACATG TTCGGAATAA AAAATTTTCAT AGATACTkTC ksTACGCTAG	1560
	AATTACATAA TCAAGTTTGT AGTAATGCAA TTATCCAAGC AAGATATCAC GATTTGACC	1620
35	AACTTCAAAA GCGATATAAA AGrAACGrAA GCTATTATAA TAATGCATTA GCTATCAAAA	1680
	GATTfTTTAT AGCTTTAGAT AAAATTATTG ACTTCAACAG ACCAAAAGTA TAACTATCT	1740
	AGTGAGGAAA GAGACTTATA GGTCTCGCGA GTTATTTTAA TTCGTATGCA AGAAAAAGAA	1800
40	GAGCTATGCA TTTTATTTAA AATGCGTAGT TCTTtTTTTA TGCATCTAAA TTCATATTAT	1860
	TTTTGCAATA TAAACATATC TTTGTGCAAA TTCCGAACAC AAAACATTCA CATCATCCTT	1920
45	TTTtGCCCTT TTTCTATACC CCAAAACACA AAAAGCCCCG TAAGCCTATG CcTACGGGgT	1980
	TTGACAATAA ATTATATATT ATTGTTCTTC TTTAACATAT GGTAATAATG CCATATGACG	2040
	AGAACGTTTG ATAGCTGTAG TCAaCATACG TTGATATTTA GCTGAAGTAC CAGTTACACG	2100
50	ACGTGGTAAA ATTTTACCGC GTTCTGAGAT AAAACGTTTT AATAATTCAG TGTCTTTGTA	2160
	GTCGATATGT GTAATACCAT TTGCTGTGAA ATAGCATACT TTTTACGAC GACGTCCGCC	2220

55

CGTTAATTTT TATTAGAATG GTAAGTCATC ATCACTTATA TCAATCGGTC CGTTTGCATT 2340  
 TGCAAATGGA TTATCAGATT GTTTCGTGTT TGATGAATTA TTGTACGAAT TGTTTTGTCC 2400  
 5 TGATTGTTGA CCACCGAATC CTTGACCGTA ATCTTGGAAT TCATTTTGTG GACGTTGGCC 2460  
 ACCATTTTGT TGCGCATTTT TAGGTTCAAG GAATTGAACG CTATCACACA CAACTTCAGT 2520  
 AACAAACACA CGACGACCTT CTTGATTTTC ATAATTACGG GATTGTAAGC GACCATCTAC 2580  
 10 ACCAGCTAAA CTACCTTTAG ATAAATAGTT ATTTACATTA TCTGCTTGTC TTCTAAAAAC 2640  
 AACACAGTTA ATAAAATctG ctTCGCGCTC CCCTTGAGCA TCGTGAACG TACGATTTAC 2700  
 TGCAAGAGTG AATGtCGCTA CACTCACACC TGAGGGAGTG GTTCTGTATT CCGGATCTTT 2760  
 15 CGTTAAACGA CCTACTAATA CAACTCTATT TAGCATTTAA ACGCCCCCTC TAATTATTAC 2820  
 TTGTCTTCGT CTTACGAAT AACCATGTAA CGAATGATAT CGTCACTGAT TTTAGCTAGA 2880  
 CGTTGGAATT CGTCAGTAGC TTTGTTGTTA TCAGATTTAA CACGTACGAT GTTGTAGAAG 2940  
 20 CCATCTTTGA AATCATTGAT TTCATAAGCT AGGCGACGTT TACCCCGATC TTTTGCTTCT 3000  
 AAAACTTCTG CACCTTCAGT AGCTAAGATA CCGTTGAAAC GTTCAACTAA CGCTTTTTTTA 3060  
 GCATCTTCCT CAATGTTTGG GCGTACGATG TACATAACTT CATATGTTCT CATTTTATAT 3120  
 25 TTGCACCTCC TTGTGGTCTA TACGGCTTAT CAATCTTAAA ACAGATAAGC AAGGaATAAT 3180  
 TTTCACTACT CACAATAAAG AATTaTATCA TCGGCCATTA CTTTTTACAA TaATAATTca 3240  
 30 AACTACTCTT CATATCATTT TTGATATtAA TTCATTGaa ACTTTCnATG ATATTTTnAA 3300  
 AAATACACTT CACAAAAGCG AACATATGTn CTATAAnAGT TGTGAGGTGG TAAGGAATGA 3360  
 ATTTA 3365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 247:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1032 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 247:

GTAAAAAGTA ATTGGTGGTA TTGATGATGA TTTTACAGCC AATGTTATGC ATCCAAATCA 60  
 ATATCGAATT CGATATTCGT CTCAGAAACA GGACCTTAAT GAAGATATGA CAGTTTTTGA 120  
 50 TGCAGTATTA AGTTCTGATA CAACAACCTT ACGCATCATC AAGCAATATG AGCAGGCAGT 180  
 ACAAGCTTAT GCGGATGACC AAAGTGATAA ATTGTTCAAG CGAATGATGG ATGCGCAAGA 240

ACTAGGTATA CATGATACTA CTAAATACAT TAAAGAATTA TCCGGCGGAC AACAAAAACG 360  
 TGTGTACTT GCTAAAACAT TAATAGAACA ACCAGATTTA TTGTTATTAG ATGAACCTAC 420  
 5 GAACCATTTA GACTTCGAAT CAATCAGCTG GTTGATCAAT TATGTGAAGC AATATCCTCA 480  
 TACTGTTTTA TTCGTAACCC ATGATCGATA TTTTAAAT GAAGTTTCCA CTAGAATTAT 540  
 TGAACTAAAC AGAGGTAAGT TAGCGTCATA TCCTGGTAAC TATGAATCTT ATATTGAAAT 600  
 10 GCGCGCTGAA AGAGAAGTAA CACTTCAAAA GCAACAACAA AAGCAACGAG CTTTATATAA 660  
 GGAAGAACTT GCTTGGATGA GGGCTGGgAG CTaaggCTCG TACTACAAAG CAACAAGCTA 720  
 GAATTAATCG ATTTAATGAC CTAGaAATG AAGTTaACCA GCAATATAAA GACGATAAAG 780  
 15 GTGAATTGAA TCTTGCTTAT TCaAGATTAG GTAAGCAAGT GTTCGAATTA GAAGACTTAT 840  
 CAAAGGCTAT TAATGATAAA GTATTATTTG AACATCTGAC GGAAATTATT CAAAaGGTG 900  
 20 AGCGTATTGG TGTGTTGGG CCAAATGGAG CTGGTAAAAC AACACTCTTA AATATTTTGA 960  
 GTGGAGAAGA CCAACAATTC GAAGGTAAAT TGAAGACTGG GCAGACGGTT AAAGTAGCTT 1020  
 ATTTAAGCA AA 1032

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 248:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 852 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 248:

35 TGTGATTAAAC GAAGCTTATT TTCGTACACC TTCAACAACCT GATTACAACG GCGTTTATCA 60  
 AGGTATTAT ATTGATTTTG AAGCAAAGGA AACTAAAAAC AAGACGTCCT TTCCTTTAAA 120  
 TAATATTCAT GACCATCAAG TCGAACATAT GAAAAATGCA TATCAACAAA AAGGTATTGT 180  
 40 GTTTTAAATG ATTCGTTTTA AAACGCTAGA TGAAGTTTAT CTTTACCCT ATTCAAAATT 240  
 CGAAGTATTT TGAAGAGAT ATAAAGATAA TATTAAAAAG TCTATAACAG TTGATGAAAT 300  
 ACGAAAAAAT GGTACCATA TTCCTTATCA GTATCAACCA AGATTAGACT ATCTAAAAGC 360  
 45 AGTTGATAAG TTGATATTAG ATGAAAGTGA GGACCGCGTA TGACGGAAAA CAAAGGATCT 420  
 TCTCAGCCTA AGAAAAACGG TAATAATGGT GGGAAATCCA ACTCAAAAAA GAATAGAAAT 480  
 50 GTGAAGAGAA CGATTATTAA GATTATTGGC TTCATGATTA TTGCATTTT CGTTGTTCTT 540  
 TTACTAGGTA TCTTATTGTT TGCTTATTAT GCTTGGAAG CACCTGCTT TACCGAAGCT 600

TTAGATAATG GCCAAAGACA TGAGCATGTA AATTAAAAAG ACGTGCCGAA ATCAATGAAA 720  
 GACGCAGTAC TTGCAACTGA AGACAATCGT TTCTACGAAC ATGGCGCACT TGATTATAAA 780  
 5 CGTTTATTCG GTGCAATTGG TAAGAACTTG ACTGGTGGAT TTGGkTctGA AGGtGCCTCA 840  
 ACATTAACAC AA 852

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 249:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5804 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 249:

CACTTTTTTC ATTAAAAATC TCATATTTAT AACTGAACG TAATCTCGAA TATTTTTTCAA 60  
 CCCAAGTTTT AACTTTAACT TTTCTGGAT AAAAAATAGA CTTTTTATAA TTGACATTGA 120  
 GGTCAGTCAC AGGTGAAATG ATTCCTTGTT TTTCCATATC AGCATAACTA AAACCTAACT 180  
 25 TCGATATATA ATCCAACCGC GCAACTTCAA ACCAAGTTGC ATAATTCCCG TGATAAATTA 240  
 CACCCATCTT ATCAGTTTCA GCATAACGCG CTTCTATTTT TGTAATACTA TATATCATTT 300  
 TAAGCCTTCT TTCAGTTTAA CTTTATATCT CATTCTAACA TAAAATACAA GAAGAGGCCG 360  
 30 GCCAAGAACA CAAAGGKTTT GAACCGACCT ATTATATCAT AAaGTTTATA GAAGTATTTT 420  
 TGAGCACTAT CAAAGTGCCT CAAATACCGA TTAAAATTTT ACTGTGATAT CTATTTTTTTA 480  
 TTGCGCTAAT TTATTTCTTA AAACCATTTG TAAAATTCCA CCGTGACGAT AGTAATCCAT 540  
 35 TTCAACAAGT GAGTCAAAAC GAACCATAGC GTCAAATTCT ACCAAATCAC CATCTTGCTT 600  
 CTTAGCAGTA ACTTTGACGT AGtCATGTGG TTGAACATTT TCATCAATAT TAACAGrAAT 660  
 TTCTTCTGTA CCATCTAGAC CAAGAGAATC AGCTGATTCA CCTTTTTTTAA ACTCTAATGG 720  
 40 TAATACACCC ATCATAACTA AATTTGAACG ATGGATACGT TCATAACTTT GTGCAATAAC 780  
 TGTTTTAACA CCTAATAAGT TTGTACCTTT TGCTGCCCAG TCACGAGATG AACCATAACC 840  
 ATAATCGTTA CCAGCTAATA CAACTAAACC TGTACCATCT TCTTTATATT TCATTGCAGC 900  
 45 ATCAAAGATA GGCATTACTT CATTTGTTGG CCAATAAGTT GTAAAACCAC CTTCAGTACC 960  
 TGCGCGTAAT TGGTTTTTAA TACGTATATT AGCAAACGTA CCTCGAACCA TTACTTCGTG 1020  
 ATTACCACGT CTTGAACCAT ATGAATTAAA TTCACGAATA GGCATTGAT GATCTTGTA 1080  
 50 ATATTTACCA GCTGGCGTAT CTTTACCAAT TGCACCTGCT GGAGAGATGT GGTCAGTTGT 1140



	TTCTTTAGAT AATCCTTGA AGAATGATGG ATTTTGAATG TATGTTGAAT TAGGATCAAA	1260
	GTCATATAGA GGTTGATCAG TTACATCAAT CTCATTCCAT AATTCGTTGT TATTGTATAC	1320
5	GTTAATTATAT TCTTCAATAA ATAATTCAGG TGTTACAACA CTATCAACGG TATCTGAAAC	1380
	TTCTTTAATT GATGGCCAAA TATCTTTCAA ATATACATCT TCACCGTCAT TACCTTTACC	1440
	AATAGGTTCA TTTTGTAAAT CAATATCAAC CGTTCCAGCT AATGCATAAG CAACAACATA	1500
10	CTGTGGTGAA GCTAGGTAAT TGGCTTTAAC AAGAGGATGG ATACGACCTT CAAAGTTACG	1560
	GTTACCAGAT AATACAGATG TCACTAATAG GTCCTCATCA GCAATCGCTT TTTCAATTTT	1620
	TGGTAATAAA GGACCTGAAT TACCGATACA AGTTGTACAT CCATAACCAA CCAAGTTGAA	1680
15	GCCTAAATCA TCTAAATAAG GTTGTAAAGC AGCATCTCTT AAATATCCGG TAACAACCTT	1740
	TGATCCTGGT GCTAGAGAAG TTTTAACGTA TTCAGGAAGT TTCAAGCCTT TTTCAACTGC	1800
20	TTTTTTAGCA ACTAAACCTG CACCTAACAT TACATAAGGG TTAGATGTAT TTGTACATGA	1860
	TGTAATTGCT GCTATTGCAA TATCACCTGT TTTCAATTGT GCTTTTGATC CATCTTTAAA	1920
	GTTAATTTCA GCTTTCTTAT CAAATTCAT TTTATCTAAA CCGTGTCTCT GGTGCTCTGC	1980
25	TGGAGCTGTT ACAGAAATTT CAAATGATGA TTTCATATCA CTTAAGAAAA TTAAATCTTG	2040
	AGGACGTTTT GGTCTGAAA GCGATGCTTC AACTGTTGAT AAATCCAATT CGATAACATC	2100
	TGTATAATTA GGATCTTCTT TCTCAACATC AAAGAACATA TGGTTTTGTT TCAAATATTC	2160
30	TTTTACTAGC GCGATATGTT CGTCTGATCT ACCAGTTAAC TTCATATATT TAAGAGATTC	2220
	ATCATCAACT GGAAGAATC CGCAAGTTGC TCCATACTCT GGTGCCATGT TTGCAATTGT	2280
	AGCACGGTCT GCTAGTGGTA AATGTTGTAC ACCTGGACCA AAGAACTCCA CAAATTTACC	2340
35	AACAACACCT TTTTACGTA GCTCTTGAGT TACTCTTAAC GCTAAATCAG TTGCTGTTGC	2400
	GCCTTGTTGGT AATGAATTTA CTAGTCGTAC ACCAATAACC TCTGGAATTG GGAAATAAGA	2460
40	AGGTTGTCCA AGCATTCCAG CTTAGCTTC AATACCACCA ACACCCCATC CTAGTACGCC	2520
	AATACCATTT ATCATTGTTG TATGTGAATC AGTACCAACT AATGTATCTG GAAATGCAGT	2580
	TTTTTCACCA TCTACATCAC GAACATGTAC AACACTTGCT AAATATTCTA AGTTAACTTG	2640
45	GTGAACATTT CCAGTTGCAG GAGGAAGTGC ATTGTAATTA TCAAATGCTT TCGTTGCCCA	2700
	ATTTAAAAAC TGATAACGTT CATAGTTACG TTCAAATTCT AATTTCATAT TACGTTCAAG	2760
	AGCTTCTGGA TTTGCATAGC TATCCACTTG AACTGAGTGG TCAATAACTA AATCCACCGG	2820
50	TACTTCTGGA TTAATTTTAG TAATATCTCC CCCAACGTCA TCCATTGCTT TACGTAAAGA	2880
	AGCTAAATCA ACTACGGCTG GTACACCTGT GAAATCTTGT AAAATAACAC GAGAAGGTTT	2940

55

GTCTGTAATT ACAAATCAT CTTCTTGACG AAGTAAAGAT TCTAACAAAA CACGAATTGA 3060  
 ATAAGGTAAA TTGGAACTT TAGTAATACC TTGCTCTTCT ACAGCTTTTA AATCATAGTA 3120  
 5 AGTATAACTT TGGCCATTCA AGTCAAAATG TTTTGTGAT TGCTCTTTAA AATTGTCAGC 3180  
 CATTTAATGA TCCCCCTTGA TACATTTTTA TATTTATATG CCTTGATTAA ATTGTATTAT 3240  
 TATATTTATT GATAACAAC TCATCATGCT TAGAAAACGC TTAATTTAGG TTTTGACTTT 3300  
 10 TTAATCAGAG TATATAAGCA AACTTATCA TACAGGTAAG GTGTAATAAG TATTTTAT 3360  
 TAATTGAGAA TAATTATCAA TTTGCGAAT GATTCAATTC AATTTTAA CGTATTATT 3420  
 CATTGAGCAG AAAGAAAT ATGGCACCA ACTTTAATAT TTTTCAAT GTCATTCTTT 3480  
 15 TGATGGGAGT GGGACAGAAA TGATATTTTC GCAAAATTTA TTTGTCGTC CCACCCCAAC 3540  
 TTGCATTGTC TGTAGAAAT GGAATCCAA TTTCTCTTG TTGGGGCCCA TCCCCAATT 3600  
 GCACATTATT GTAAGCTGAC TTTTCGTCAG CTTCTGTGTT GGGGCCCTCA CCCCACCTCG 3660  
 20 CATTGCCTGT AGAATTTCTT TTCGAAATTC TCTGTGTTGG GGCCCTGAC TAGAATTGAA 3720  
 AAAAGCTTGT TACAAGCGCA TTTTCGTTCA GTCAACTACT GCCAATATAA CTTCGTAGAG 3780  
 CATAGAATAT TGATTTATGT CCCAGCCTGA GTTAATTTTC TATAAAAGTA TATTTAATT 3840  
 25 GCGTTTATAC CGTCAAAT CACTTTAGCT TTGTCAAACC CTTTCTATT AAGTTTTCAG 3900  
 AAATAAACCT ATCTTAAAT ATAAAAAAT CGAGAATTCG TAGTTTAATA ACGAAATTCT 3960  
 CGTTCTTATC CTTTGAATA TACTCAATTT TCCACAAAA CAAACAAGTA GTATATCTGT 4020  
 TCTAGCTACT AGAATGACAT ACTACTGTT ATTAATAATAC TTAATAAAC TTTATTAGTT 4080  
 ATCTTTTTTC TCTATATTC TACGTGACTG ACGCTTTTCA AGAATGTCAG ATTCATAATC 4140  
 35 TTCTTGTTGA CTCTTGATAT ATTCTGTAA GCGATGTTTA TTCGGAGTCA ATGTTAAACC 4200  
 TAGGAATTTA CGTTCCTGGT TCGCATCCTT GTAGAACTT ACCATCATGA GTATGACGAC 4260  
 AAAGGAGAAT GGAATGCAC TTATAATTGC AGCACTTTGA ATCGCATTTA AAGCTTCAGC 4320  
 40 GCCGTTACCG CCACCAGCTA ATAAAAGTAC AAATGCTATT AAGGCCTGTG AAATCCCCA 4380  
 AACAACTTTT ACCATACTAG ATGGATTTAA TGAACCAAT GTTGTGTTGCA TTCCTAATAC 4440  
 AAATGTTGCT GAGTCAGCAG ATGTAATAAA GAATGATGCA ATTAATAATA ATGCAATCAA 4500  
 45 CGATAAAACA ATGCCAATG GCACATGATT AAACACTCCA AATAGCTGTG TTCAGGAGT 4560  
 CATATCAAAA ATTTCTTTGT GTTCTTACC TGTCTCGATG CCTAATACAC CAAAGACACT 4620  
 50 AAACCAACA AAATAACAA TTGCTGGAAC TAGCAAGACA CCAGAAATGA ACTCTCTAAT 4680  
 TGAACGTCCT TTGAAACTC GTGCAATAAA CACTCCAACG AATGGACTCC AACTTAACCA 4740

	TGCTGTATCA AACTATTAA ACAAGAATGT GTTTAGTAAA CTACCCGTAG AGCTAGTTAA	4860
	CATATTTAAA ATAAGAACAG TTGGTCCAAC AATTAAAGCA GCTACCATTA AAATAGTACC	4920
5	TAAACCAATG TTCAAGTTAC TTAAGTATTG AATACCTTTA CTTAATCCAG ACCATGCACT	4980
	TGCTATAAAT AAGATAGTAA CAACAATGAT GATAATCGCT TGTACAAACG TATTGTTTGG	5040
	AACATTGAAC AAGTAATGTA AACCACCATT AATTGTGAGA GCACCCATAC CTAACGAAAC	5100
10	GGCTACCCCA ACGATTGTCG CAAATACAGA TAAACGTCA ATAAAAATCC CAATAGGACC	5160
	TTCTACTTTA TCACCTAAAA GAGGACGTAA AGTTCTAGAT AATAAACCTG GTTCACCTTT	5220
	ACGGAATTGC GAATATGCCA ACGTAACGCA ACAACACCAT AAACAGCCCA AGCATGGAAT	5280
15	CCCCAATGGA AAAATGTTGA ACGTAGAGCT TCAGTATAAG CTTCAGTAGT TTTGGGATCT	5340
	GCTGTAGGTG GCGTAGCAAA GTGCGCCATC GGTTCAGCTG CACCATAAAA CACCAAACCT	5400
20	ATCCCCATAC CAGCACTAAA CAACATAGCA AACCATGAAA TTGTATTAAA CTCAGGTTTG	5460
	TCATTTGGTT TACCTAGTTT AAGTTTTCCA ATAGGACTAA AAATAAGGAA TATACAGAAG	5520
	AACACGATAA TCGTAGTAAG AATAAGATAA TACCAACCTA ACTTTTCTGT AATCCACATT	5580
25	TTAATATTAT TGGTAACATA GTTGAATTGT TCAGGTAAAA ATGCACCAAG TAATACGACT	5640
	ATAGCAACAA CAATTGCACT ATAGATGAAG ACTGGTGAAT ACTTCTTTCC ATTTGGATTC	5700
	TCTGGTGAAG AAGAATTCAT AATTAATTAC TCCCTTCAAT TCTATATTTA ATTTTATGTA	5760
30	GTAGAATAAA AATATTATCT AAACATTTTA TTCAATAACT CACG	5804

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 250:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

35	(A) LENGTH: 400 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 250:

	ACCCGCGAAT ATGGTCCATC CTATCGATTT ATTTTAACT GGTTCGACAA TATTTAATTT	60
45	TTTATAATCA TTCTTAGTGA TTTTGACATA TGTTTTCGGT ATGAGCCAGT TAATAAATGG	120
	AAAGAAGAAG ACAATCCAAT TACTTGCCAA ATCaaTCATT AAATATTCAC TATCGTATTT	180
	GATTATTCGA TATTTAGGGT TTTTATTAAT AACTTTAGAT TCGCAAAGCA ATGTCTCCAC	240
50	ATCCCTTTAA TTTTATGTGT AATACATTTT TCGATACTTC AAAAGACATT CAAATACTAT	300
	CAAGTTACTG TCATCAAAGG TTTTATTAAC TGATATTtTC ATATTTTTAa TCTGAATTTA	360

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 251:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 964 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 251:

CCAGGGTGCG GAAAGCTTTA AAATTTGGAC TAATAAGAT GCTGATATTA ATTCTATGAA 60  
 AACAGCAGTT TTACAACAAT TAAAGGAGA ATAACATATG CTTACTGGCA AACAAAAAAG 120  
 ATACTTAAGA AGTTTAGCAC ACAATATTGA TCCGATTTTT CAAATTGGAA AAGGCGGTAT 180  
 CAACGAAAAT ATGATTAAAC AAATAGATGA TACGTTAGAA AACAGAGAAT TGATTAAAGT 240  
 ACATGTACTA CAAAATAACT TTGATGATA AAAAGAATTA GCTGAAACAT TAAGCGAAGC 300  
 TACTCATAGT GAATTAGTGC AAGTGATTGG ATCTATGATA GTGATTTATA GAGAATCTAA 360  
 AGATAATAAA GAAATTGAAT TGCCATAATA ATGAAAAAGA TAACTTTA CGGCGGTCTAG 420  
 TTTAACCTTA TCCATACTGC ACATATGATA GTAGCTAGCG AAGTATTICA TGAATTACAG 480  
 CCAGATGAAT TTTATTTTTT ACCTAGTTTT ATGTCTCCAT TGAAAAAGCA CCATGATTTT 540  
 ATAGACGTTT AGCACAGATT AACAAAGATA CAGATGATTA TCGACGAGCT TGGTTTTGGA 600  
 GATATTTGTG ACGATGAAAT TAAACGTGGT GGTCAAAGTT ATACCTATGA CACGATCAAG 660  
 GCATTCAAGG AGCAACACAA AGACAGTGAG TTGTACTTTG TTATTGGGAC GGATCAGTAT 720  
 AACCAACTAG AGAAATGGTA TCAAATTGAA TACTTAAAAG AAATGGTTAC TTTTGTAGTT 780  
 GTAAATCGAG AAAAAAATAG TCAAATGTT GAAATGCTA TGATTGCAAT TCAGATACCT 840  
 AGGGTAGATA TAAGTTCGAC AATGATTCGA CAAAGAGTTA GTGAAGGGAA ATCTATCCAA 900  
 GTTCTTGTTT CTAAATCCGT TGAAACTAT ATTAAGGGGG AAGGATTATA TGAACATTGA 960  
 AAAA 964

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 252:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1193 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 252:

TTGTCATGAA ATAAATGGGA TGAATATCAC GACTAGAAGT AATGTTACGA ACAGGAGCGT 120  
 ATAAACTAGA GACGCTAAAT TCGACATAGT ATGThGCTCA ATTATGGCTG ATGATGAATT 180  
 5 TAAAGTATGT GCGTTGGAAC TGTCGGATTT TTGTTcATAA TGTTTTGCAT ATTGCGCCAT 240  
 GATGAATAGT GTAAAAATAA ATAAAACAAT AAGAGATATA ATGCCCATAA TCAAAAGTAT 300  
 TTGTTTAGAG CCTTTCATTA TTTCACATCC TTTCTAAAAT ATATTGTAA CTAAATTTAA 360  
 10 AATAGTTATT TTTGTAATTC TAAACCTTTT TCATCGCGAA AACAATTAAA TAGGTCGCGG 420  
 TATTAATTAT TATATTATTA CCGCTTAATA TGAAAATAC ATGaaAATTA ATTTTCTAAT 480  
 15 ATACTTTTGA AAAATTATTA CAAATTAGCC CCTTCAAAAC GCGAAAACAT AAGGATTCTA 540  
 GTTTCAAAAG GGCTGATAAG CATAAAATGA AATGTAATAT TCGATGTAT AAAATTTTAA 600  
 ATTAGCTAAA AATCATCGCA TTAATTTTTT GAGCTACATC ATCAAAATTC GGACATTTTA 660  
 20 ACGACACATA TAATTTAATT TTAGGTTcAG TACCAGAAGG ACGTAAAGCG ATAAATCCTT 720  
 CGTCAAATAA GACACGAATA ACATTGATT TAGGAGAATT AATCTGCGAC GTTGTATCTT 780  
 TATCCAAATG ATAAACCTCG CTAGTTAAAT AATCTTCAAT TGCTTCACT TTGAGTCCTT 840  
 25 GAATCTCTTG CCGTGGATTT GAACGGAATT TGGTCATTAT TGCATTAATT TTCTTTTCC 900  
 CTTCAAATCC TTCTAGCGTA TGCGgaATAA TGTATCCTCA TGTCTACCAA CAGTTTGATA 960  
 AATCTGTTCT AATTCATCTT TCAATGTTTT GCCATATAAT TTAACTCAG AAGCGTATTT 1020  
 30 TATAATGAGT GGCACAATTT GTACGGCATC TTTATCACGT ACAAAGGCT CTGATAGAAA 1080  
 ACCGTAATC TCTTCAAATG CGAAAATCAT ATTTGATGAT CATCCAGTTG TCTTATTTCC 1140  
 TGAGCAATAA ATTTAAGCCC GTCAGCACCT CTTTGGTATT CAACATTATT ATA 1193

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 253:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1098 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 40 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 253:

45 TATCAGGATG ATTATGnCGG GGTTTTATTA AGTCTGAGCG TATATnCCCTT TTATTCTCCT 60  
 AAATGGTTTG GAATTCAAGG AGAAGACGAT GAAATGGTAT CCAAAAACCA AnGAATATAT 120  
 50 nGCATTAAGT CTGAGGATGA TAGTGCGGTG GCAATTCGTT CATTAATTTT GCATAAAGAT 180  
 GAACCTATGT ATTTAAAAAA ACGTACATGT GTACCTACTT TGTTAATTAA TGGGGAACAT 240

AAAAAAATCT TCGAACATTG AGGACATGCA CCGCATATTG AAGAACCAGA AGCATTATG 360  
 AATTATTATT TAAAATTTT AAAAAGCGTA TCATAATATG TGATATATAA ACCTAGGGCA 420  
 5 TAAAGTCCTT AGGCAATGTG AAAAAGCTGA TTACTATTCA TTATTGATA GAAATCAGCT 480  
 TTTTTTGAAA TGTATTGAT ATATACTGCT CGTTATGCGG CTATCTTCCT TATATTAAGT 540  
 GCCATTAGTG CAAACCTCT TAACAATTAG GTAAAAAGAG CATAAAAAA GGAAGTTTAA 600  
 10 TAGAATGTAT CATCTATCAA ACTTCACCAA ATTGCGCTAA ACAAATTAT AGTTCAATT 660  
 CGTTGTTTGC TTCAGTGATT CGTTATTTA CTCGACTCAA TAATGATTG ATTTTTTAC 720  
 GTTGTGTGTC ATTAACAAGA ATTAATACAG TTCTTTCATC ATGCTCATT CGTTTTTAT 780  
 15 CGAAGTAATC TTCTTGAGAT AAAATTTTAA CTGCTTTAAC AACTGTGGT TGTGTGTAGT 840  
 TTAAATGATT AATAATATCT TTAAGATAGT ATTCTTCTC TTGTTTTCG CTGATGTATG 900  
 20 TCAATACAGC GAATCTTCA AAGCTAATTG AATTCCTT TTAATTAAA CTTTTAATT 960  
 TGTCAGCATA AGTGACCATT GATAACAACT CAAAGCAATC ATTGATTTT GTAATTGCCA 1020  
 TGTTTAAAC CTCCCTATTT GATGCATCTT GCTCGATACA TTGCCCCGA TAATATATG 1080  
 25 TATCTAATCT TTATGnAT 1098

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 254:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2881 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 254:

CCAGGTAAAA TTGTGCAATC ATTTGACGCA TTAATGGACG CCTTGGACAA TGAAGATTAT 60  
 GAAGGAGAAA AAGTCATTCC ATTCTTAGAT AAACATTTTA AATATCAAGA TGGCCGATCA 120  
 40 AGTGAGCGTT TAGTCAGAAA TTTATTTGGT AGCTAAGTTT ATATAGTAGT CAAAGTGGA 180  
 GAGGTATAAT GATGAAATTT TCAGTAATAG TTCCAACAT CAATTCAGAA AAGTATATAA 240  
 CAGAATTACT TAATAGCCTT GCGAAACAAG ATTTTCCGAA AACTGAATTT GAAGTGGTTG 300  
 45 TAGTTGATGA CTGTTCAACA GATCAAACGT TACAAATAGT TGAAAAGTAT CGCAATAAAT 360  
 TGAACCTGAA AGTAAGTCAA CTCGAAACAA ATTCTGGTGG TCCAGGTAAA CCTAGAAATG 420  
 50 KGGCGTTAAA ACAAGCAGAA GGTGAATTTG TATTATTTGT GGACTCCGAT GACTATATAA 480  
 ACAAGAGAGAC TTTAAAGGAT GCAGCAGCAT TTATTGATGA ACATCACTCA GATGTCTTAT 540

	CACCTGAAGT TACTTTGTTA AATTCAAGAA TTATCTATAC TTTAAGCCCG ACTAAAATCT	660
	ATAGAACAGC ATTACTAAAA GATAATGACA TTTATTTTCC AGAAGAATTA AAGAGTGCAG	720
5	AAGATCAATT ATTTACAATG AAAGCATATT TAAATGCAAA TCGAATCAGT GTGTTAAGTG	780
	ATAAAGCGTA TTATTATGCT ACAAAAGCGTG AAGGTGAACA TATGAGTAGT GCGTATGTTT	840
	CACCTGAAGA CTTTTATGAA GTCATGAGAT TGATTGCTGT AGAAATATTA AATGCAGATT	900
10	TAGAAGAAGC CCATAAAAAT CAAATCTTAG CAGAATTTTT AAATCGTCAT TTTAGTTTTT	960
	CTCGTACGAA TGGCTTCTCA CTTAAAGTTA AACTAGAAGA TCAACCACAA TGGATTAATG	1020
	CTCTAGGAGA CTTTATACAA GCAGTTCCAG AACGTGTAGA TGCATTGGTG ATGAGTAAAT	1080
15	TACGACCATT GTTGCACTAC GCGAGAGCGA AAGATATAGA CAACTATAGA ACTGTGGAAG	1140
	AAAGTTACCG TCAAGGTCAA TACTACCGTT TTGATATTGT AGATGGTAAA TTAAACATTC	1200
20	AATTCAATGA AGGCGAACCA TACTTTAAAG GCATTGATAT CGCTAAGCCA AAAGTGAAAA	1260
	TGACAGCATT TAAATTTGAT AATCATAAAA TTGTTACAGA GCTAACGTTA AATGAATTTA	1320
	TGATTGGCGA AGGACATTAT GATGTCAGAC TTAAATTACA TTCACGAAAC AAGAAGCACA	1380
25	CAATGTATGT ACCTTTAAGT GTCAATGCGA ATAAACAATA TCGTTTTAAC ATTATGTTAG	1440
	AAGATATTAA AGCGTATTTA CCTAAAGAAA AAATTTGGGA TGTTTTCTTA GAAGTCCAAA	1500
	TAGGTACGGA AGTATTTGAA GTGCGTGTTG GTAATCAACG TAATAAATAT GCATATACTG	1560
30	CAGAAACAAG TGCATTAATT CATTTGAATA ATGATTTTTA TAGATTAACA CCGTATTTCA	1620
	CAAAAGACTT TAATAACATT TCGTTATACT TTACAGCTAT TACATTAACG GATTCAATCT	1680
	CATTGAAGTT AAAAGGTAAA AACAAAATCA TTTTAACTGG TCTGGATCGT GGTTATGTAT	1740
35	TTGAAGAAGG TATGGCTAGT GTCGTACTAA AAGACGACAT GGTGATGGGA ATGTTAAGCC	1800
	AAACATCAGA AAACGAAGTG CAAAATCTTA CTTAGCAAAG ATATTAAAAA GCGAGACTTC	1860
	AAAAATATTG TTAAGTTAAA CACTGCACAT ATCACTTATC CACTAAATAA ATAATAAATG	1920
40	CCCTCAAATC ATTGTGAGCC AACATGATTT GAGGGCTTTA TTTTGCTGTT TATGACATGA	1980
	TTATGACATT TCCCTGATTT TCATTTTCAT ATACATTAAA TTGTATACAC TGGAAATGAG	2040
45	GAGGTTATCT ATAATGATAA ATAAAAATGA CATAGTAGCA GATGTAGTAA CTGATTATCC	2100
	GAAAGCAGCG GATATTTTTA GAAGTGTGGG AATAGATTTT TGTGTGGCG GACAAGTAAG	2160
	TATAGAAGCA GCAGCCTTAG AAAAGAAAAA TGTAGATTTG AACGAATTAT TACAGCGTCT	2220
50	CAACGACGTT GAACAAACGA ATACACCAGG TTCGTTAAAT CCTAAATTTT TAAATGTTTC	2280
	ATCACTTATT CAATATATTC AATCAGCATA TCATGAACCT CTAAGAGAAG AATTTAAAAA	2340

55

TGAGTTAAAA GAAACATACG ATACATTTAA AAATGGCATG TTAGAGCATA TGCAAAAAGA 2460  
 AGACGATGTC GATTTTCCAA AACTCATTAA ATATGAGCAA GGTGAGGTAG TAGACGATAT 2520  
 5 TAATACTGTG ATAGATGATT TAGTTTCAGA CCACATTGCA ACGGGAGAAT TGTTAGTAAA 2580  
 AATGAGCGAA TTAACATCTA GTTATGAACC TCCGATAGAA GCGTGTGGTA CTTGGCGACT 2640  
 TGTTTATCAG AGATTAAAAG CACTTGAAGT GTTAACACAT GAACACGTAC ATTTAGAGAA 2700  
 10 TCACGTATTA TTTAAAAAAG TATCATAAAT AACGCGATTA GAAACTGTTG GCAAAAATAA 2760  
 GTCCAGCAGT TTTTCGCTAT GTATAAAAGT CATAATAGTG ACATAAACAG CATTATTTGA 2820  
 AAAGAAATAAT GGTCAACTTA GCATAAAAAT TGATATGAAN ATTTAATGGT ATAGATAATT 2880  
 15 A 2881

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 255:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1056 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 255:

ACCGTCGAAT ATCGCTTGTG ATTTACAATT TGTGTATTAA GATGCTCAAC TAATTTGGGT 60  
 30 ACATATTCCG AATTAGATT TGCAAGTACA ACAATTCAT AATTTTGTTT TGGATTAGT 120  
 AAAATAAATG ATGAAAAGTT ATCTAGCGTT CCTGAATGAA AACTAAATG TTCATCATT 180  
 TTGGTAAACC AGCCGGAAGC ATATGCATTG GCATTAGGTT CACCAATTGT TGAAGATAAA 240  
 35 TTTTATGTG ATTGTTGAAC TAATGATTGG TATTATCAG GTGGATTAG TTGGAATTT 300  
 ATCGAATGTT CCAATCTTC AGTTGATGTC ATCATATATG CTGATGGTGT ATCCCAAAGG 360  
 TTAAATTCAG GTTTAGAGAC GACAGGTGTC GAACCTTGTA ATTCATAGCC AATAGCATCA 420  
 40 TGTTTTGATT TGTAATTGGT TTGTTTGAAT GATGTATGTG TCATATGCAA AGGCTTGAGC 480  
 CATGAATTTG TAAIATATT TGTATAGGAT TGCTTCGTAA CGTTTGGAT AATTAAACCT 540  
 AATAAATCAT AGTTCATATT TGAGTATTCA AATTCTTCTC CGGGCTTATG ATGTAATTCA 600  
 45 TCACCCATAA TTGCATGGGT TACATCATT AAACGATTAT TTTTGCTTGT CACAGAATCT 660  
 TCGCTTGTA TACCACTAGG TATACCACTT GTTTGAGCCA AAAGTTGCTT AATCGTAATA 720  
 GTTTCATTTT GACCATTATA GTTCATTTTA AAATGAGGCA CATGTTTGA TACGGCATCA 780  
 50 TTTAAGTTTA ATCGACCTTC TTGAGCTAAT TTTAAATG CAAGACCTGT GAAAGCTTTC 840



TGATAACCAT AACCTTTATT TAAAAAACT TTGCCATTTT TTAATAyTAA AATTGATGCT 960  
 CCAGGAATGT GTCCCTTTTG TAAATCATGC TCGATAATTG TATCTATTTG TTGTTGCGAA 1020  
 5 TCATTGGTTA ACCGTGTCTT CGTATTGCTA TTAAAT 1056

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 256:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 256:

ATGCCaCACT TATTGGTGGC AGGATCGACG GGTAGTGGTA AATCTGTTTG TATAAATGGT 60  
 ATTATTACAA GTATTTTATT AAATGCTAAG CCGCATGAAG TTAAACTTAT GTTAATCGAT 120  
 CCGAAAATGG TTGAACTAAA TGTTTATAAC GGAATTCCAC ACTTATTAAT TCCGGTTGTT 180  
 ACAAATCCTC ATAAAGCTGC TCAAGCTTTA GAAAAAATTG TAGCTGAGAT GGAAAGACGT 240  
 TATGATTTAT TCCAACATTC ATCAACTAGA AACATTAAAG GTTATAACGA ATTAATCCGT 300  
 AAGCAAAATC AAGAATTAGA TGAGAAGCAA CCAGAATTAC CTTATATCGT TGTTATTGTA 360  
 GATGAGCTTG CAGATTTAAT GATGGTAGCT GGTAAGAAG TTGAAAATGC GATTCAACGT 420  
 ATTACACAAA TGGCACGTGC AGCAGGTATA CATTTAATTG TAGCGACACA AAGACCTTCT 480  
 GTGGATGTAA TTACAGGTAT CATTAAAAAT AATATTCCAT CTAGAATAGC TTTTGCTGTG 540  
 AGTTCTCAA CAGATTCAAG AACTATTATT GGTACTGGCG GCGCAGAAAA GtKACTTGGT 600  
 AAAGGTGACA TGTTATACGT TGGAAATGGT GACTCATCAC AAACACGTAT TCAAGGGGCG 660  
 TTTTAAAGTG ACCAAGAGGT GCAAGATGTT GTAAATTATG TAGTAGAACA ACAACAGGCA 720  
 AATTATGTAA AAGAAATGGA ACCAGATGCA CCAGTGGATA AATCGGAAAT GAAAAGTGAA 780  
 GATGCTTTAT ATGaTGAAGC GTATTTGTTT GTTGTTGaAC AACAAAAGGC aAGTACATCA 840  
 TTGTTACAAC GCCAATTTaG AATTGGtTAT AATAGAGCAT CTAGGTTGAT GGATGATTA 900  
 GAACGCAATC AGGTAATCGG TCCACAAAAA GGAAGCAAGC CTAGACAAGT TTTAATAGAT 960  
 CTTAATAATG ACGAGGTGTA AAAAAATGTC AGAAATGAAT GCGGTATATA ACGTTAAACA 1020  
 ATaCATTtTa AATTTgATTA AGCAAAATAA ATTGGAATAT GGTGACCAAC TTCCAAGTAA 1080  
 TTTATCAATT GCCAGAGAAT TAAATGTAAA AACCAGCGAT GTTTATGAAG CAATTCAGcA 1140  
 TTGATTACTG AACAAAGTCAT TAAAGATAeT TTGAAGAGGG CACAAGTGTT AAGTCACTGC 1200

GrtTTGAATG CGGAACT

1277

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 257:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 257:

	TACCGTCGTT TTATgYGTCA AATTTTACAG TAAATTTTGC TTCATCAAAA GAAATAACCT	60
15	TTAACAAGTA TAGTAATTTT ACATTTTACA ATGTTACAAA ATATAATTTT TTATAATTAG	120
	TTAAAATCAC TAAAACGCTT TTATACACTA TCAAATCAGC ATTTATAAAA ATATGAACCG	180
20	ATATCCTAAA ATGTTAATAA TATTACAAGA TAATAACAra CCACACAAAG CTACTTATTT	240
	TTGATAATAT GGAAATCGTA ATATAAAACn AAAACTTAAT TTACTATATA AATTGTCTTA	300
	ATAATTTTTA AAAGTAGTAA AACATAATTT TAAGGAGGAG TCCCTTTGAA AAAATTAGCA	360
25	TTTGCAATAA CAGCAACATC TGGTGCAGCT GCATTTTAA CGCATCATGA TGCACAAGCT	420
	TCTACACAAC ATACAGTACA ATCTGGTGAA TCATTATGGA GTATTGCTCA AAAATACAAC	480
	ACTTCAGTAG AGAGTATTAA ACAAAATAAC CAATTAGATA ACAACTTGGT ATTCCCTGGT	540
30	CAAGTTATCT CAGTAGGTGG AAGTGATGCA CAAATACGT CAAACACTTC TCCACAAGCT	600
	GGTTCAGCAT CATCTCATAC TGTACAAGCT GGTGAATCAT TAAATATCAT TGCTAGCAGA	660
	TATGGTGITT CAGTTGATCA ATTAATGGCA GCCAATAACT TACGTGGTTA TTTAATTATG	720
35	CCTAACCAAA CATTACAAAT TCCTAATGGT GGATCAGGTG GTACAACACC AACAGCTACA	780
	ACAGCTAGCA ATGGCAATGC ATCATCTTTT AATCACCAAA ATTTATACAC TGCTGGTCAA	840
	TGTACATGGT ACGTATTTGA CCGTCGTGCT CAAGCTGGTA GTCCAATTAG CACATATTGG	900
40	TCAGACGCTA AGTATTGGGC TGGTAACGCA GCTAATGATG GTTACCAAGT AAACAACACA	960
	CCATCAGTTG GTTCAATTAT GCAAAGCACA CCTGGTCCAT ATGGTCATGT TGCTTATGTT	1020
	GAACGTGTCA ATGGTGATGG TAGTATCTTG ATTCTGAAA TGAATTACAC ATATGGTCCA	1080
45	TACAATATGA ACTACCGTAC AATTCAGCT TCAGAAGTTT CTAGCTATGC ATTCATCCAT	1140
	TAATTAAATA AATTGTACTG ATATATACTA GCAATTCACA TCATGTGAGA TTGCTAGTTT	1200
	TTTATTTTGT AAAAAAATTT TCATTTTGGT ACAAAAAATT ATCTCACCCCT TCCCTATCAT	1260
50	ACATATTTAT ATTTTGTATG AATGGTAGTT AGGTAAAAAT TAACAACCTA CCTATTTGAT	1320

	ATTTAATTTG TTATACCAGT ATTTTACGCT TTTTCGTCTA CATATACAAA TTTATATTAA	1440
	ATAAAGCCCA ATACAATTTA GGTTAATTAA ACAAGTTGAT AACTATTTAA TTATTCCTTC	1500
5	ATTGAAGAAT ATAAACTATT AAATCATTAT TTTGCTCTTA CATATATTTT AATGACCCTAA	1560
	CTGaTTATGT TCCATGGAAT ACATTTATAA TATAGCCTCC TAATTAArAT GCyTTGTCTT	1620
	GGTCATTCTA CGTAAATTCT ATAAAATATG TTATCTACTT ACATAArArn CTGrACTTCA	1680
10	ATACCACCAT ATGTTTGTGA TACTGAAGTT CAGTTTAGTT TTATTTTCAA TTAGAAAAAT	1740
	AAGTTAAGTA TATAGAATAG TAAACCTGCT AACAAATGCTG AAATAGGTAA TGTAATCACC	1800
	CATGTAATGA TCATTCGTTG CGCagTGCTC CATTTTACAC CTTTAGCTCG GTTAGAAGCA	1860
15	CCAACACCTA AGATTGATGA TGACACAACG TGAGTTGTTG ATAATGGGAA ATGTAGCGAT	1920
	GATGCAACAA AAATTGTTAA TGCAGATGAT AAATCGGCCG CAGCACCATT TGCTGGACGT	1980
20	ATTTTCATAA TATTACCACC TACAGTTTTG ATAATTTTCC AGCCACCAAT TGCAGTACCA	2040
	AGCCCCATTG CTGTGCGACA GGCAAATTTT ACCCATAACT GTGGTTCAAC ACTGCCATCA	2100
	TTCTGTACAT TAGCGACAAT CAATGCCAAC GTAATAATAC CCATTGATTT TTGCGCATCA	2160
25	TTCGTACCGT GAGAGAATGA TTGTAACGCT GCTGTGAAAA TTTGGAAAAA TCTAAAGTTA	2220
	CGATTGCTC TTGTTAAATT TGCAITTTTA AAGATAACTT TAAAAATTGA ATACATCAAG	2280
	AAACCAACAC AAAATGCGAT AATCGGTGAA ACGATTAAATA CAATAATAAT TTTTGTGAAA	2340
30	CCTTGGTAAT GTAACACTCC AAATGAGCCT TCAGATGCGA TTGCTGCACC CGCAATTGAA	2400
	CCTATAAGTG CATGTGAAGA CGAACTTGGA ATTCCGTAAA ACCAAGTAGC TAAATCCAA	2460
	ATAATAGCCG CAAGTATTGC AGCTAACACA ACAACTAATC CATTTTCCAA TTTAAATGGA	2520
35	TCGACAATGT CTTTAGTAAT GGTGCTGCA ACGCCCGTAA ATGTTAAAGC ACCTATAAAG	2580
	TTCAITCACTG CTGCCATTAA AATTGCOGTT TTAGGgTTAA CGCTCTAGTA GATACAGCAG	2640
	TAGCTACTGC ATTGGcTGTA TCATGGAaTC CcATTGATAA AGTCAAATAT CAGCGAGAAA	2700
40	ATAACTACAG CTATAGTGAC GATGATTATA TATGACATAA ATATATACTC CCCTTAGCTA	2760
	TTTTTCATAA TAATAGTTTC AAAATTATTT GCTACGATTT GACATTTATC AGCGATTTC	2820
45	TCCATGCTTT CATAAATATC TTTTATTTTA ATTAAAGTGA TTGGATCTGT TTCGCTATTG	2880
	AAAATATGTT TAATTGACTG TCTTAAAATA CCATCACAGT TTGTTTCAAA TTCTTTAATA	2940
	TTAATTGAAT GAATACGCAT ATGTGATAAT TTTTATCGA CTAATAAGCC GACAGCAAGT	3000
50	TTCAITTTCTG CAACTGCTTT TTGAATGTIA TCAACAAACT CAGCCATATA TTCATCTGTG	3060
	TATTGATTG AATACATTTT AAACATrGCT GCCGTTTCTT CAATTGCATC TAAAACATCA	3120

TTTAAATCAG TAATTACTTG ATGTACTAAc tCGcACCATG TGACTCATAA GTTTTAATGT 3240  
 TGTCTGAGTA TGCTTTTAAA TCTAAATGTG TATTGAAATC CATTTTACCG AATTCAATAG 3300  
 5 CAGCACGATC CAGATTGAAA ACCATCTCTT CTAATTGAAC CATAAACTTA TCTTTTTTCT 3360  
 TACTAAACAT TTAATCCT CCATTTAAGC GATTGTCACC AATCACATTC AGTTATAATT 3420  
 TGTTTCAAAT TAAGACAAGT GAATTTACAA ACTAATGATA CAAATTTGTT ATTATCAATC 3480  
 10 GTCAGTATAA TTTTAGTGTA CTGATATTAA TTTCAAAAAT GCCTCACAGT AAACAATTTA 3540  
 CTGTATTTGC CCTTATA 3557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 258:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1631 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 258:

AACATACAT TTCGAAAAAT TCTTCTAGTG AACCTGCGCC ACCAGGAGCC ATGACAAATG 60  
 25 CATCTGCAAG TTCTGCCATT TTATTTTnAC GTTCATGCAT AGAATCAACT AAAATTAAAT 120  
 CAGTTAAACG TTGGCTTG TGATTGATT CATCTAACAT TTTAGGCATG ACGCCAATAG 180  
 30 CTTTGCCGCC ATGATCTAAT ACACCATCTT GaATGGCACC CATAATGCCA ATTGACCCTG 240  
 CACCAAATAC TAATTCATAA CCTTGTTTCAG CAAATATTT ACCTAAATCG TATGCTTTT 300  
 GTACATATGA AGGGTCATGA CCTTGCTTG CACCACAATA AACTGCGATT CGTTTCATGT 360  
 35 TAATCCAGCT CCTTAATTCG ATGAATGACT TTTAATAGTG ATTGTTCAA CACTTTTGA 420  
 TCTTGCTTTG TAAAAGGTGG GGGACCTTG TGGCGACCAC CTGTTTTTCT AATTTGTGCA 480  
 TTCAATATC GTTTATCTAA TAGTTGTGA ATATTTTGG AATTGTATAT CTCCCATTA 540  
 40 TGATGCATGA CAATTAAGAC TTTGTCGACT AATAAATTG CGAGTCCATA ATCTTGAGTG 600  
 ACTACGATAT CATCCTTCGT TGATAATTGA ACAATTTGT AATCAACTGC ATCTGGTCCA 660  
 TCATCAACAT ATAATGTTGA TACATGTGA GGATATAATT GGTTCGAAAA ATGGCTGAAG 720  
 45 CTCCGAATAA TTGTCACAAA AATGCCTGTC TCAGTTGTTA AATCTATAAT AGAATCAACA 780  
 ACAGGACAAG CATCTCCATC AATAATAATA TGTGTCACAA TTATGCCTCT GTATTGTTTT 840  
 CTTTATTTTG TTGAGAGGCG CTTTGGCAA CATAATCTTT ATATTTTTTA AATGACTTGA 900  
 50 TGGGTGCTTT ATCAGCTTCT TGTGGCGTT TTTGTTCTTC TTTGTGCGT TTTCAATAT 960

	CGCCTTTTTT CTCAGTTTTT TCATCTAATT TATTAGGTGT TAAGCCTGCT TTTTCTTCGT	1080
	ATTTTTGTGA TTTTTCATA TCCTTAATAC GTTGTATTTT ATTCTTTTCG CGGGCTTTTT	1140
5	GCTCTTCTTT ATGACGCTTT TCGATATTTT TTTGAAGTAT TTTATTCATT TTATCAGCGT	1200
	CTTTACGATT TTGTTTAGCT AATTTTTCGC CTTTCTTCTC AATATAGGCA GGATCATGTT	1260
	CTCTAGCAAA CTTTSTAAGT TCACGTTTAT TTTCAAAATC TTGTTTTTTA TCGCCGACAT	1320
10	ATTCTTTAAC ATCACTCGCT GTGTTACTGA TTGCTGCAGA TGTTTTTGAA GCAACTTTAC	1380
	TTGTAGCATC TGTAACTTTT TGTACGTCCG GATGTTGTTT GATACGTTTA CGTTCAACAA	1440
	TTAACGGTAC CAATACAATT GGTAATACAT TAATCATAAA TTGATGACT TTTTCTTAT	1500
15	CCATAGATCT TGcCTCCaTA ATTACTTTAT TAATTTTAcA TACCcTATGa TACATCAATA	1560
	TAAACGATGA TAGTAGTGAA TCACTATTAA GTATTTcAGA TGTTTtTTAA AAgAAGaCCC	1620
20	AATTAnAAAA A	1631

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 259:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6645 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 259:

	CGAAATCATG ATTTAATGCT TTTTCATATA AGCTTTTCCA ATTAATCTTT CGTCCATGAT	60
	ATTCTTCAAC TGTTGCTAGA TATTGTGCAA TTTTAGTTAC TTTAAAGGAG TGTGCTGCAA	120
35	CaTTGTGkTC mAAATATTTA AATTTTCCaG GtAATCTTAT AAGTCTTTCC aTATCTGATA	180
	ATCTtTTAAA ATATTGATGT ACACCCATTT CAATTACCTC CTCCATTAAT TAATCATAAA	240
	TTTACTTTT TTTTACATA TCAATCAATT AAATATCATT TaAATATCTT CTTTaTATAA	300
40	cTCTGATTAA ATGATACCAA AAAATCCTcCT CAACCTGTTA CTTAAACAGG CTAAGAGGAT	360
	AGTCTTGTCT TGATATATTA CTTAGTGGAT GTAATTATAT TTTCTGGAT TTAAAATTGT	420
45	TCTTGAAGAT TTAACATTAA ATCCAGCATA GTTCATTTC GAAACAGTAA TTGTTCCATT	480
	AGGGTTTACA GATTCAACAA CACCAACATG TCCATATGGA CCAGCAGCTG TTTGGAAAAT	540
	AGCGCCAAC TCTGGTGTtT TATCTACTTT AAATCCTGCA ACTTTTGCTG CGTAATTCCA	600
50	GTTATTTGCA TTGCCCCATA AACTTCCTAT ACTTCTACCT AATTGTGCAC GACGATCGAA	660
	AGCATAATAT GTGCAGTTTC CATAAGCATA TAAGTTTCCT CTGTTAGCAA CTGATTTATT	720

	TACATTAACT GTCTTAGTTA CTGCTTGCTT AGGTGCTTGC TTAATACTA CTTTTTTAGA	840
	TGCTTGTTGT ACAGGTTGTT TTACTACCTT TTTAGCTTGG CTGCTTTTC TTACTGGTGA	900
5	TTTAACCGCT TTAGTTTGTT TCACCTTATT TTGAGGCACA AGTGAAATCA CGTCACCAGG	960
	AAAAATTAAA GGTGTTACAC CAGGATTGTA TGAATATAAT TGATTCAACG TTAAGTGATG	1020
	CTCTAAAGCA ATCTTATATA ATGAATCGCC AGCAACTACT GTATAAGTTG TCGGTGATTG	1080
10	CGTTTGTGCT TGAACATTTG ATACATAATT ATGTTGAACA GGTGTTTTTA CTGTGTGCC	1140
	ATGTTGTTGT GCATGTGCTG CATTATTTAA AGCTAAAAA GCTAACACTG ACGAAACCGT	1200
	CACTGTAAGA GATTTTTTCA TCTTGCTGTC ATTCTTTGTC TGTTAGTATT TTAAGTATGC	1260
15	AAATACTATA GCACAATACA TTTTGTCAA AGCTATTGTT ATAACGATGT AATCAAATGG	1320
	TTAACAATAT AAAAGAATA CAACCTTTTA TCATAGTGTA AAATGTATTC ATACCATGTA	1380
	ATTGAGAACG TTTTCAATAA TTAATTCAAT ACCTTGAAAA TCGCCATAGG TAATATTACT	1440
20	AAATGCACAC TGCATATGTT GTTTTAACAA ACACAACTTT TAAAAAATAT ATTCTAACTC	1500
	TATCTACCGA ATTGTACTTA AATATTCATA AACAAATCAT ATTCCAAAAT CTAATTTACA	1560
25	ATTTATTTAG CTACCTTTAA AAAAACCAAA AACCGACGCC CTTTGTAGAGC CTCGGTTTTA	1620
	AAATATATAT TAATCGTGCG ACATTGCTG TCTTAAATAT GATTGATAA ATGGTCCAAT	1680
	GTCTCCATCC ATCACTGCAT CAACCTTACC TGTTTCTTCG TTCGTACGAT GATCTTTCAC	1740
30	CATTGAGTAT GGATGGAAAA CATATGATCT AATTTGGCTT CCCCAGCCGA TTTCTTTTTG	1800
	TTCGCCACGA ATTTTCAGCCA TTTCACGTGC CTGCTCTTCC AATTTTAATT GATATAATTT	1860
	AGACTTTAAC ATTTTCATAG CTGCTTCACG GTTTTTAATT TGAGAACGTT CATTTTGGTT	1920
35	ATTAACAACT ATACCTGAGG GGTGGTGGGT AATTCGTATT GCCGATTCAG TTTTGTAAAT	1980
	ATGCTGACCA CCTGCACCAG AAGCTCTGAA TGTATCAACT GTAATATCAT CCGGATTGAT	2040
	TTCAATCTCT ATTTTCATCAT TATTAAAATC TGAATAACG TCGCATGATG CAAATGATGT	2100
40	ATGACGACGT CCTGATGAAT CAAATGGAGA AATTCGTACT AGTCGGTGTA CACCTTTTTTC	2160
	AGCTTTTAAA TAACCATAAG CATTATGCCC TTTGATGAGC AATGTTACAC TTTTAATCCC	2220
	CGCTTCATCC CCAGGTAGAT AATCAACAGT TTCAACTTTA AAGCCTTTCT TCTCACAATA	2280
45	ACGTTGATAC ATTCTAAATA GCATATTAGC CCAATCTTGA GACTCCGTGC CACCTGCACC	2340
	AGGATGTAAC TCTAGAATTG CGTTATTGGC ATCGTGAGGC CCATCTAATA ATAATTGCAA	2400
	TTCGTATTCA TCCACTTTAG CCTTAAAATT AATGACCTCT TGCTCTAAGT CTTCTTTCAT	2460
50	TTCTTCATCA AATCTTCTT GTAATAAATC CCAAGTAGCA TCCATGTCAT CTACTTCTGC	2520

	TTGCGCTTTC GTTGGTTAT CCCAAAAATT AGGTTCTGCC ATCATTCTT CATATTCTTG	2640
	AATATTAGTT TCTTTGTTCT CTAAGTCAAA GAGACCCCCT AATTGTGTT AAATCTTGAT	2700
5	TATACTTATC TATATTTTCTG TTGATTTCTG ATAATTCCAT AGCATTCTGCT CCTATTTATA	2760
	TTTCAATTCA AGTCATTGAT TTGCATCTTT TATAATGCTA AATTTTAACA TAATTTTGTT	2820
	AAATAACAAT GTTAAGAAAT ATAAGCACAC TGACAATTAG TTTATGCATT TATTGTTAAA	2880
10	AATCAGTACA TTTATCATCG ACATATGCCT AAACCGATTT TTTAAACTA AGTACATAAC	2940
	AACGTTTAAC AACTTCTTCA CATTTTTTAA AGTATTTAAC GCTTGTAATA TAAAAAGACT	3000
15	CCTCCCATAA CACAACTAT AGGTGTTTAA TTGGAAGGAG TTATTTTATA TCATTTATTT	3060
	TCCATGGCAA TTTTGAATT TTTTACCACT ACCACATGGA CAATCATCGT TACGACCAAC	3120
	TTGATCGCCT TTAACGATTG GTTTCGGTTT CACTTTTCT TTACCATCTT CAGCTGAAAC	3180
20	GTGCTTCGCT TCACCAAACCT CTGTTGTTTT TTCACGTTCA ATATTATCTT CAACTTGTTAC	3240
	TACAGATTTT AAAATGAATT TACAAGTATC TTCTCAATA TTTTGCATCA TGATATCAAA	3300
	TAATTCATGA CCTTCATTTT GATAGTCACG TAATGGATTT TGTTGTGCAT AAGAACGTAA	3360
25	GTGAATACCT TGACGTAATT GATCCATTGT GTCGATATGA TCAGTCCAAT GGCTATCAAT	3420
	AGAACGAAGT AAAATCATAC GCTCAAACCTC ATTCAATTGT TCCTCTAAGA TATCTTTTTG	3480
	ACTTTGATAT GCTGCTTCAA TCTTAGCCCA AACGACTTCG AAAATATCTT CAGCATCTTT	3540
30	ACCTTTGATA TCATCCTCTG TAATGTCACC TTCTTGTAAG AAGATGTCAT TAATGTAGTC	3600
	GATGAATGGT TGATATTCAG GCTCGTCATC TGCTGTATTA ATATAGTAAT TGATACTACG	3660
	TTGTAACGTT GAACGTAGCA TTGCATCTAC AACTTGAGAG CTGTCTTCTT CATCAATAAT	3720
35	ACTATTTCTT TCGTTATAGA TAATTTACAG TTGTTTACGT AATACTTCAT CGTATTCTAA	3780
	GATAAGTTTA CGCGCGTCGA AGTTATTACC TTCTACACGT TTTTGTGCTG ATTCTACAGC	3840
	TCTTGATACC ATTTTGTATT CAATTGGTGT AGAGTCATCT AAACCTAGTC GGCTCATCAT	3900
40	TTTCTGTAAA CGTTCAGAAC CAAAACGAAT CATTAAATCA TCTTGTAATG ATAAATAGAA	3960
	GCGACTATCC CCTTTATCAC CTTGACGTCC AGAACGACCA CGTAACTGGT CATCAATACG	4020
45	ACGAGATTCA TGTCGCTCTG TACCTATTAC TGCTAAACCG CCTAATTCCT CTACGCCTTC	4080
	ACCTAATTG ATATCTGTAC CACGACCAGC CATGTTAGTG GCAATAGTAA CGGCACCTTT	4140
	TTGTCCAGCG CCTGCAACAA TTTCAGCTTC ACGTTCATGA TTTTTCGCAT TTAACACATC	4200
50	ATGACGGATA CCACGTTTTT TAAGTAAATT TGAAATATAT TCAGAAGTCT CAACTGCAAC	4260
	AGTACCTAAT AGCACTGGTT GCCCTGCCTT GTGTTTTTCA ACAACATCTT CTACTACTGC	4320

55

TTTATTTGTC GGAATTTGAG TTAAGTGTAT GTTATAAATA TTTCTAAATT CTTCTTCTTC 4440  
 AGTTTTAGCT GTACCTGTCA TACCCGCAAG TTTATTGTAC ATTCTGAAAT AGTTTTGGAA 4500  
 5 TGTAATAGAC GCCATAGTTT TAGATTCAAT TTGAATTTGA ACGCCTTCCT TCGCTTCAAT 4560  
 AGCTTGGTGT AAACCTTCCG AGAAACGACG GCCTGGCATT GTACGTCCTG TAAATTGATC 4620  
 GACAATTAAT ACTTCGCCAT CAACAACCAT ATAGTCTACG TCACGTTGTA ATGTAACGTG 4680  
 10 CGCACGTAAA GCTGTGTTGA TATGACTAAT AACATCAACA TTTGTACAT CATATAAGTT 4740  
 TTCAACTTTG AACATACGTT CAGCTTTATC CGCACCTTGT TCTGTAAAT GTACAGCTTT 4800  
 CGTTTTTCA TCGATTTTAT AATCTTCGTC CTGTTTAAAC ATTTTCGCAA AAACATTTGC 4860  
 15 TTGTGTATAA AGTGACGTTG ACTTTTCAGC TTCACCAGAA ATAATTAATG GCGTACGTGC 4920  
 CTCGTCGATT AAAATTGAGT CAACCTCATC AATGATTGCA AAATGTAATG GACGCATTAC 4980  
 TCTATCTTCA GAATAATTCA CCATGTTATC TCGTAAGTAA TCAAAACCTA GCTCATTATT 5040  
 20 AGTACTGTAA GTAATGTCTT GTGCGTATGC TTCACGTTT TCTTCTGTCG TCTTACTGTT 5100  
 TAAGTTAAT CCGACAGTCA AACCTAAGAA GTTATATAAC TCAGCCATTT CTTCACTTTG 5160  
 AACACTTGAT AAGTATTCAT TGACTGTAAT AACGTGAACA CCTCTACCAG CTAATGCATT 5220  
 25 TAAGTATGTT GGCATTGTG CTGTTAATGT TTIACCTTCA CCTGTTCTCA TCTCAGCGAT 5280  
 ATCACCTTTA TGAATTGCAA TACCACCCAT AATTTGAACT TTATATGGTG TCATATTGAA 5340  
 TACACGTTA GAGCCTTCTC TAACAAGTGC ATATGCTTCT GGTAATAATT TATCTAAATA 5400  
 ATCATTTTGC TTTTGTACAT TATCAATGTC AGCTAATTCT GTTTGGAATT GTTTCGTTTT 5460  
 ATTACGAATT TCTTCATCAG TTAAAATTGC CGTTTTTCT TCTAAAGCGA TTACTTTATC 5520  
 35 AGCAAGTTTA CCTAAGTGT TAAITTCCTT ATTATTGCCA TCAAGAATT TTGATAAAAA 5580  
 TCCCATTTCG TTCGCTCCTT TAGCTAAAAA ACTGTTTGGC CTACAACAAT ATATCTTATC 5640  
 ATTTATAGTT AGAAAATTAT ACTTATTTAC TCATTGTAG AATCAATATA AATATATTTA 5700  
 40 TGACATACTT CATTACATT CTGTTGTCAA CAAGTTTATC ACTAATAAAT ATATTCTCAA 5760  
 TACGCAATTA TACTTCCTAA TAAATTATAT TATAAATATT TTACGATTTT CGACTCGGAC 5820  
 TATACAATAG ACTGACATAC TATTATTAAC TTAACATTCA AATATATACA TCCATTAACA 5880  
 45 TTAGCATAGT CACTATGTTT CATTCAACAA ATTACATTAT CGAACTATGA AATAGTCATA 5940  
 ATTTGCTTTT GGAGTATAAA AAAGCACTTG TGCAAAAACA CAAGTGCTTT AAACCTAATT 6000  
 TATTGTTTAC TAGTTTGAAT CAAGCCATAT TTACCGTCTT TACGGCGGTA AACGATACTT 6060  
 50 GTTCCATCAG TTTCTCTGTC TGTGAATACA AAGAAGTCAT GACCTAATAG ATTCATTGT 6120



ATCTCGTTAT CATCGTAAGC GTCATTATCA ACTTGTGTTT CTTCGATTTT TGTAATTCG 6240  
 GCAACAAACA CTTCTTGATC TCCTCGATCA CGGCTCTTAC GATTAATACG TGTTTTATAT 6300  
 5 TTTCGAACTT GTCTTTCAAG TTTATTATTA ATTAAATCAA TACCTGCGTA TAAATCATCG 6360  
 TTTCGCTCTT CAGCTCTTAA CGTAACATTT TTCAATGGAA TTGTTACTTC AATTTTAGTA 6420  
 GCTGAATTTG AATAAGTTTT AACTTTAACA TGCGCCACTG CATTTGGTAC GTCATTAAAA 6480  
 10 TAACGTTCCA ACTTACCAAT TTTTCCCKCA ATATAGTTGC GAATAGCATC TGTGATAGTG 6540  
 AGGTTATCTC CATGAATTTT AAATCTAATC ATAGTAAATC TCTCCTTAAA CCTCTTTATn 6600  
 15 GGnAACTCnT TATTATATTT AACATTTTnA CGCCAATCGT GCAAA 6645

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 260:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 7430 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 260:

CAGTCCAGC ACATCTATTG GGGATCAACA AACTAGGGAA AATGCTAATT ATCAACGTGA 60  
 AAACGGTGTT GACGAACAGC AACATACTGA AAATTTAACT AAGAACTTGC ATAATGATAA 120  
 30 AACAAATATCA GAAGAAAATC ATCGTAAAAC AGATGATTG AATAAAGATC AACTAAAGGA 180  
 TGATAAAAAA TCATCGCTTA ATAATAAAAA TATTCAACGT GATACAACAA AAAATAACAA 240  
 TGCTAATCCT AGCGATGTAA ATCAAGGGTT AGAACAGGCT ATTAATGATG GTAAACAAAG 300  
 35 TAAAGTGGCG TCACAGCAAC AGTCAAAAGA GGCAGATAAT AGTCAAGATT CAAACGCTAA 360  
 TAACATCTA CCTTCACAAA GTCGAATAAA GGAAGCACCA TCATTAAATA AGTTAGATCA 420  
 AACAAAGTCAA CGAGAAATTG TTAATGAGAC AGAAATAGAG AAAGTACAAC CACAACAAAA 480  
 40 TAATCAAGCG AATGATAAAA TTAATACTA CAATTTTAAC AATGAACAAG AAGTGAAACC 540  
 TCAAAAAGAC GAAAAACAC TATCAGTTTC AGATTTAAAA AACAAATCAA AATCACCAGT 600  
 AGAACCAACA AAGGACAATG ACAAGAAAAA TGGATTAAAT TTATTAAAAA GTAGTGCAGT 660  
 45 AGCAACGTTA CCAACAAAG GGACAAAGGA ACTTACTGCA AAAGCGAAAG ATGATCAAAC 720  
 GAATAAAGTT GCCAAACAAG GGCAGTATAA AAATCAGGAT CCTATCGTTT TAGTGATGG 780  
 50 TTTCAATGGG TTTACAGATG ATATTAATCC TTCAGTGTTA GCTCATTATT GGGCGGTAA 840  
 TAAAATGAAC ATTCGCCAAG ATTTAGAAGA AAATGGTTAC AAAGCTTATG AAGCAAGTAT 900

## EP 0 786 519 A2

	TCGTGTAGAT TATGGTGCAG CACATGCAGC AAAATATGGA CATGAACGTT ATGGAAAAAC	1020
	ATACGAaGGA ATTTACAAAG ACTGGAAACC AGGACAGAAG GTACACCTAG TTGGACATAG	1080
5	TATGGGCGGT CAAACGATAC GTCAACTAGA AGAATTACTG CGTAATGGTA ATCGTGAAGA	1140
	AATAGAGTAT CAAAAGAAAC ATGGTGGcGA AATTTCTCCA CTATTCAAAG GTAATCATGA	1200
	CAATATGATT TCATCAATTA CTACTTTAGG AACACCACAT AATGGTACAC ACGCATCAGA	1260
10	TTTAGCTGGT AATGAAGCTT TAGTGAGACA AATCGTATTT GATATCGGTA AAATGTTTGG	1320
	TAATAAAAAT TCAAGAGTAG ACTTCGGGTT GGCTCAATGG GGTCTAAAAC AGAAGCCAAA	1380
	TGAATCATAT ATTGATTATG TCAAACGCGT TAAACAATCT AATTTATGGA AATCAAAAGA	1440
15	TAATGGATTT TACGATCTGA CGCGTGAGGG TGCAACAGAT TTAAATCGTA AAACGTCGTT	1500
	GAACCCTAAC ATTGTGTATA AAACATACAC TGGTGAAGCA ACGCACAAAG CATTAAATAG	1560
	CGATAGACAA AAAGCAGACT TAAATATGTT TTTCCCATTT GTGATTACTG GTAACCTAAT	1620
20	CGGTAAAGCT ACTGAAAAAG AATGGCGAGA AAACGATGGT TTAGTATCCG TTATTTCTTC	1680
	TCAACATCCA TTTAATCAAG CTTATACAAA AGCGACAGAT AAAATTCAAA AAGGCATTTG	1740
25	GCAAGTGACG CCTACAAAAC ATGATTGGGA TCATGTTGAC TTTGTAGGAC AAGACAGTTC	1800
	TGATACAGTG CGCACAAGAG AAGAATTACA AGATTTTTGG CATCATTTAG CAGACGATTT	1860
	AGTGAAAACT GAAAAGCTGA CTGATACTAA GCAAGCATAA TTTATAAAGT AAAGGGAGGA	1920
30	ATTAATAATG ACTGCAGACT TCTTTCAATT AATCGGATCA TTATTTAGAA TTCTAAAAGA	1980
	ATTATTCAAG TAAACATTG GCGAGGCCCC AACATAAGA ATTTGAAAA GAAATTCTAC	2040
	AAACAATGCA AGTTGGCGGG GCCCCAACAA AGAAGCTGGC GGAAAGTCAG CTTACAATAA	2100
35	TGTGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAA GCTGGCGGAA AGTCAGGTTA CAATAATGTG	2160
	CAAGTTGGGG TGGGACGACG AAATAAATTT TGCGAAAATA TCATTTCTGT CCCACTCCCA	2220
	TTGGCATTTA CGAAGTTTAA ATGTGCAATT AGAATATATG TATAACAATA TTAACACGC	2280
40	GGTAAACGA AGTCAGTCAA TTCAAACCTGA TTTCGCCAC CGCGTGTTTT TAACATAGCT	2340
	TAATAATTAA TAAGCATTAA TGTTCATTTT ATATGGTTGT TTTCCAATAA TAAACCTAAA	2400
	GATATAGAAT TCACGCAATA TCATGCCGAC ACCTATACAT AATCCTAAAA TGAATAGTAG	2460
45	TGATATCGCT AGAAAGACCA TTGTATTATC CTCAAATATA TTTGTATATG CAAACAATGA	2520
	GTCTAGAATG ATTGGATGTA ATAAATAAAT AAAGAATGAG AAAGCACTAA TCATTTGAAT	2580
	CGTATTAAAT AACATTGTTT TAAATGCGT GCAAATACCC AAGATAACAA TAAACATAAT	2640
50	ACTATTATAT GGTGTTAATG AATATGAAAA GCTGGTAACG TTCCAATAGT CTCCaTTTGT	2700

55

	TCTAAGAAAT TTAATACACG TTCGTAGTTA TAACCCATAT ATGCACCTAA GAAGAAATAA	2820
	AAAATCCATC CGAATATTAT AGTATTTTCA CTTAATGGAT AATAGTGTAG CACGGTATCG	2880
5	TGAAACGCTG TGTGTTCGT AAAGTAATAT AAAAATGATT GCTGTAAAAT AAAAGATAAC	2940
	AATAATAATA TTTTACTGTT GAATAGGTTA TAGTTAATTT TAAAAATGAT ATAACTCAAA	3000
	ATAAAGAATT GCATGATAAC AACGATAAAA TAGCCATACC ATTGACCTAA TAGGACATTT	3060
10	TCAATGAATT GTTTATTGAA ACTTGAATCT GTTAATAATG ATTCACTATA ACTGTAAAAC	3120
	AATCCCATTA ATATGTAAGG AATAAGTATA TATTTTACGC GTGTAGTTAA GTATCTATAG	3180
	GTGACTTTTT GGTAAATTCAG GGTGTTCAGT AACTGTGACA AGATAATAAA GCAAGGTGTA	3240
15	CCAAAAATCA CAATATTACG AATGTAAAAT TGTAACACTA AGGATCCACC CTCCATATTT	3300
	TCATGTTTTA AAGTAATTTG TGTAAGTAAA TGTGTGATAA TAATAATTGC ACATATAATA	3360
	GCACGTAAAT ATACGAGTTC AAGTCTAATC TTTTTCATGG AATCCGTCCC ATCTCTTAAT	3420
20	TAAATGCTCA AAAGCATCAT CACTAATTAA TATTCTAGGG ATGTAATAAT CATTGGAGTT	3480
	CGGAGTGACT GCTTTTTCCT CTAATGAAAA ACCGTATTTT AACCCAGCTT TTTTGATTAC	3540
25	CGGTAATTTA TCGTCATTCA TCAAGCCATA AGGATAGGCT ATAGTTTTCT GCGACTTTTT	3600
	AAAGTTTTTA GTTAGATATT TTCACTTTTT GTTTAAATCT TTTATGATTG TAGCTTCAGA	3660
	AGCTTTCATT AATTTTGACT TATTATTTTT AGATAAGTTA TGCAAATCGT GGGTATGTGT	3720
30	TTCAAATTC CATAACCCAG TTTTATACAT TTCTTTTAGT TCTTTTTTAC TAATCATATC	3780
	GAGGTGTGA AAGTTTTCTT CCCCACATG ACCTGTGATA ATAAACCCAG TTGCCGGTAT	3840
	TTTATATTTT TTTAAGATTG GATAAGCATT TTCATAAATA GTTTCATCCA TATCATCAAA	3900
35	GTTAATCCAT AACTTTCGTT TTGGAAACTT ACCTTTTTTC TTGLAATATA AAAATTCTTT	3960
	CAAGTTTAAA AATTTAGCAT CATGTGATTT TAGCCATTTT ATTTGAGATT CAAATTGTGA	4020
	TTGACTAACA CTATAATTTT TAATTTCTTT ACTACTAGAA AAGAAGTAAA TAAAATTATT	4080
40	CAGAAAATTC GCTTTTCTTA CACGGTGATA ATTTAATGCC AGAGCACTAT TTTCTTTATA	4140
	TTTCAGTTTT TTAGGTGAAT CGTCATCTGC ATTTGCAATA TGATGACCAT CCAGTGTGCT	4200
	TACAGGCAAT ATGATCAAGA TACTCAACAC TAAAATTATA AATTTTCTAT ACTTCACGAT	4260
45	TCTCTTCCTC TCTGCCATTT TTGAATCAAT ATGCTAATTG TAAAAAATAC AAAAATGATA	4320
	ATCGCGAAAA TGCCCATAGT TTCAAATATA TCTAAAATTT CAGTATTTTC AATGTTTAAA	4380
	GCAACACGTA TTGTATTGAT ACTTTCGTCA TGAATTTCAA ATATAGTACC AATATAAACG	4440
50	AGTAGAACAA CTAAACAATA TATCCAAAAG ACACAAGATA TAGCGATAAG TGCTGTTTCT	4500

55

TTGCGTAACC ACCTTTCTTA CGTTTAAATG CTTTTGGAAA TCGACAAGA ACTACTGCTG 4620  
 CGTTAATAAT CCAGTATACT GTCGGATACC AACTTACAAA TATGAGTCCA GCCATATTCT 4680  
 5 TTTTCTCGTA GCGACTATCA ATAAAGAGTG CGACTGTAAA TTGAATAACG TTTATAAAAG 4740  
 TCATAGTAAA TGATGATAGT AGAAATATTG AAAAATAATA TGTCATAAAT GTATAGTCTA 4800  
 AGAAGTTTGC TGTATGAAC AAATAGCCTA AATATAGAAG CACTATATAT ACCCATAAAA 4860  
 10 TCGAGATGAT TTGCTCAAAC ATCAAAATAT ATAAAGGAAA CCTTTTCGTT TTCATTGTGC 4920  
 TAAAAAAGTC TCGTAGTAAT ACTTCGTGTC CCCCTTGAGC CCATCTCACG CGTTGCTTCC 4980  
 AAAGACCTCC CAATGTTTCT GGAACCAACA TCCAACACAT GGCAAGCGGT TCATACTTAA 5040  
 15 TACGATATCC ACGTAAATGC AATTTCCAAG AAAGTCAAT ATCTTCGGTA ATCATATCAG 5100  
 TATCCCAGTA GCCAACGTCG ACAACTGCAC TTTTMTTAA TAGAGTGAAG ACACCCGAAA 5160  
 TAGTATTGAC TCGGCCAGCA AGTGTCTGAC TCGCTTAAT ACAGCCAATT AAAGTTGCAT 5220  
 20 ATTCTATCGT TTGAATTTTA CCTAAAATAG AACTCTTATT TCGAATTCTA GGATTACCTG 5280  
 TAACTGCACC AAGTTTTGGA TCATGTTTGA AATTCTCAAT CATATAATAT GGTGCATCTT 5340  
 GATCAACGAT AGTATCTGCA TCCAAGCACA TTACATAATC ATATGAAGCC TGTTTAATGC 5400  
 25 CTTGATTGAG TCGGTTGGCT TTACCTCTGT TTTCTGTAA ATCGACGAAA ATAAAGTCAT 5460  
 TATTTTCTTT GATTTTATAG ATGAGTTCTG CTGTATTATC TGAAGTTCCA TCATTAATGA 5520  
 TAATAATTTT TTTCTTCTCG TATTTGAGTG CAAGAACATT AGACAACGTA TCTTCAATCG 5580  
 TTTCACTTTC GTTATAACAG GCAAGTAAAA ATGTAATGCC TTCTAATTCA TCCACATTTA 5640  
 TGTCAGGCTT CTTGTTCAAT GAATATCTAA TTTCTCTGGT AAAATAGAAA TAAATTGAAC 5700  
 35 CGACAATCCA GTAAATAGAC ATAAATACAG GATAAAAAAG CAAAAAGTTA AAAAATTGCA 5760  
 ATTCTTTTAC CTACCTTTCTG TTAGTTAGGT TGTAAGCCAT ATGGTAATTG ATAGTATTTT 5820  
 AATTTGCAAT AGATTGTTGT TATAATTTAA CGGAAATATT TGTAATTGCA ACTTAATTTT 5880  
 40 CCTGTAACAT AGTGTGATTA ATTTTCAGTA GGGGGTTATA AAAATTGAAG GATAAGATTA 5940  
 TTGATAACGC AATAACCTTA TTTTCAGAGA AGGGGTATGA CGGTACACA CTTGATGATA 6000  
 TAGCTAAAAG TGTAATATA AAGAAAGCGA GTTTATATTA CCATTTTGAC TCGAAAAAAA 6060  
 45 GTATTTACGA ACAAAGTGTT AAATGTTGTT TTGATTACCT TAATAATATT ATTATGATGA 6120  
 ATCAAAATAA ATCGAACTAT TCAATTGATG CTTTATATCA ATTCTTATTG GAGTTTATTT 6180  
 TCGACATCGA AGAAAGGTAT ATTAGAATGT ACGTTCAATT ATCTAATACG CCTGAGGAAT 6240  
 50 TTTCTGGAAA TATTTACGGA CAAATACAAG ATTTAAATCA ATCATTAGT AAAGAGATAG 6300

5 TGCTGTTTCT TGAAAGTTGG TATTTGAAAG CATCCTTTTC GCAAAAATTT GGAGCAGTGG 6420  
 AAGAAAGTAA AAGTCAATTC AAAGATGAAG TGTATTCGCT ACTAAATATA TTTTGAAGA 6480  
 AATAATTTTT GTTACTAGTT TGTAAATAATT AACTTACTTT TGTAAAAAAA GACATGAGAT 6540  
 TATTTTTTTA AATCTATATA AAGTTGACAA TACAAATCGA TATTGAGAAT ATTAAGATGT 6600  
 10 ATATGAATTT TATAAATTAA ATGCAATACA TTAATATAAA TATCAATTGT TGCAAAATAC 6660  
 GATTTGTTCA ATGATTTGAT AATATTATTC TTTATATTTG TGAATGGTTA AGTTTGTCTT 6720  
 TGAACATATT ATAAAAGTGT AATGTTCCCC TGAAAAGAAT AAGTTGTCAT CTAATTACAG 6780  
 15 GAAATCCGCA TAAATTAGAT GAAATGGAAA GTAATAAGTA ATAATTTATT GATAAGCGCC 6840  
 TATGTGATGG TAAATCATGA CATAGGCGCT TTTTTTTATA AGTTAAAAAT GTAAATAAAA 6900  
 ATTATATAAA TTACCCACAT CTTTTTAAAA GGTGTGGGCT TTATTATCAT TAACCCAACT 6960  
 20 CACAGTGACG GGTACGCAA GGTATTGAAT TACCGAGTAC GGGCACGCTC GGTGTTGTAA 7020  
 AGAGCAAATA ATCAAGTAAT GATGATGCTT CTACTCGATT ATAAGAAAGC CATGATAGAG 7080  
 TACGATGGTA TCTAGTTTTA TTATTAATAG GTTTGGATAT TTAAAGTTGG ACAATATTAT 7140  
 25 ATCTTGTGCA AAAATATAAA TAAGTTATAC ATAATGGTAG AGAATCATGA TATAATTTTA 7200  
 AACGATAAAA TATTTATATA AATAATTAGA GAAAATGTAG TTGTGTATGT yTTGTGGtCG 7260  
 30 TTAAACTAGA TATAATTGTC CGATTTATAA AACATACATA ATGAATACaA TGATTGATTA 7320  
 TGTGGAGGAA ACCATGAmAG AmAAGTTTgA TTTAGTAAAA CTATTAAATA TTCTAAAGAA 7380  
 GAATATTAAA TTATTGCTTA TTTTACCGGC AATATGTCTT GTAGTAAGTG 7430

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 261:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4082 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 261:

45 ATTGTTACTC ATTATTTTTT CATATTCACA CAAATGATCT TGTTTATATT TAGCTAATTG 60  
 ATTTTTATCT AGCATTTTAT CCTCCTGCTG AGTTTGTAAC CTTTAATAAT TTATTTTCTA 120  
 50 TAAAAACTTA GTATTCCAGT TGCTTATTAT ATCATTGATG AAAGGCTGAA ATAAACATA 180  
 AACTGTTCCG ACCATTAACG CTGTAGCTAA AGATAAGTCT ACAAGTCCAC CTGTTTTAAA 240  
 TTGAATCGGT GTCTTCACAT TAAACGGTAA gGaknAAAAT AATTTCACGC CTTTGGTGT 300

55

	AGGCGTCTGA ATAATTTGCA ATAAAAATGC TATGATTGCG ATAAATAATA TTGAATGCGT	420
	AAAGGTTTCGA TGTCCAAAGA TCAATCTCAC AAAAAACTA ATTACCTTAA ACCTTCTGCC	480
5	AATCTTACTT TGAGTGTGAC ATATATCGGG TAATAAGCTA GCTAGAGTTG CTAGAATGAT	540
	AAACCGTAACC GACGAAAAAA TATCCGTTTG AAAATATTGT GTTGTTAGCG CTCCAACGAG	600
	CATGCCGCAT GAAGCATGTG TTTTACCTGT CATATTTGTT CTCCTTTAAT ACTCACATTT	660
10	TACCACATCC CTAACAAAAA CACGAACATA TTTTCGGGTT AAAATTCATT AGTATGACAC	720
	AATTTAAAAA AGTATCACAT AACTCTTGAA AACGATTACA AAATCGTTTA TGATGTATTT	780
	ACAAAATATT TAAAGGATGT GTTTGAATAA TGGCAATGAC AGTAAAAAG GATAATAATG	840
15	AAGTGCATAT TCAATGGAGA GTTGCTGATA TCAAAATTCC TACAAGTGAA ATTAAAAATA	900
	TTACACAAGA CCAAGATATT CATGCAGTTC CTAAATTAGA CAGCAAAGAT GTATCTAGAA	960
20	TCGGCTCAAC GTTTGGTAAA ACGAATCGCG TTATTATCGA TACTGAAGAC CACGAATACA	1020
	TTATTTATAC TCAAAATGAT CAAAAGGTTT ACAATGAATT AACTAAATAA ATTGTATAAA	1080
	AAATCATTC ATGGTGAGGG CTTCATGAAT GATTTTTTTA ATTGATTCAA CACCCAGCAT	1140
25	AAACAAATAC AAAAGGACAA CTGTTCCCAT AATTTTAACA GTTGTCCCTT TTCACATATA	1200
	TTTATAACAA AAGATGTGCC ATCAAAGAAA TAATTGGTAG TGTATGATT GTTCTAATCA	1260
	AGAAAATCAT AAACAATTTG CCGATGCTTA CAGGAATCTT CGAACCAAGT ATGACGCCAC	1320
30	CTACTTCAGA CAAGTATATT AACTGCGATA TACTAAGTGC CCCAATAACA AAACGAGTTA	1380
	TATCATTTTG TACACCTTCA ATTAATATAG AAGGTAAAAA CATATCGGCA AAACCGATAA	1440
35	TAATCGTTTG AGAAGCCTGT GCCGCTTCAG GTATTGTCAT TAACTCTAAA AATGGAACAA	1500
	AAGGTTTACC CAATATGACA AAAAAGGGCG TGTAGTTCGC AATAATGGTA GCAATAGTAC	1560
	CAATCTCAT TACTACAGGC AAAATAACAA ACCACATATC AATGACTGTT TTTAATCCTG	1620
40	ACTTAAAAAA GTCAATAACG CCCGGTGCTT TAATACCTAC TTCTGTTGCA GTATCAAAGC	1680
	CATGTCTCAA TGCCGTCTTT CTTTCTGGCA ATGCCTCAGT ACGCGCACTT TCAGGTACCT	1740
	CCTTAGCATA CTCATCAGGA ATTTTATTTA AAGGCCAAAT TCTTGGCATA ATGACTGCTG	1800
45	CAACGAGGCA GGATACTATC ACTGATAAAT AGAAAGCAAA AAATTGATTT TGCATGTGCA	1860
	CTGTTTCAGC AACTACAATT GCAAAGGTGA TAGAACTAC ACTAAATGTC GTTGAAATAA	1920
	CTGTTGCCTC ACGACGAGAA TAATATCCTT CACCATATTG TCTACTTGTA ATTAAGACAC	1980
50	CAACAGTTCC GTCTCCAATA AATGATGCTA AATTATCTAC CGTCGAACGT CCTGGCAATG	2040
	TAAATAAAGG TCTCATAACC GGTCTAAAAA TAGGACCCAA CATCTCTAAC AAACCGTATT	2100

55

	AACTTGAGAA CAATAATCCA CCCGTTTCAT CTGAGTAAAT AACCTTTGAA CCAATTCGTA	2220
	AAAAATGTCAT CCATGCAAAA ACAACTGCTA ATATTCGTAA AATTAACCAA CCAATTCATA	2280
5	CGTTAAAAAGC ATTGTTTCATT AGCCCGTCAG GTTTCATTTT ATCTTTTAAA ATAGTTGAAC	2340
	AAATCAGAGT TATGATACCC GATAAAGTAA TTATCGTCAC AATTAAAAAT GGCATTACGC	2400
10	CACCTAATAC ATCTTTAAGC ACGCCTGCTA AAAATGCCAC GGGCAACGTT GTTTGCTTCT	2460
	GTCCATCTTG TTCGACTGGA ATTGGTACTA AAAATAATAA GATACCAATT AAAGACATCG	2520
	TAATAAACTT AAGTCTCCCA ATAACATCTT CTTCCTTGA AAAGCTATCC ATAAATCAA	2580
15	TCCATTTCTC TATGTATTCG TTTTAAGTAT ATACAGAATT CTATTCAGTT AACAAACATA	2640
	TTCCCTATCA TTCTATCTTT CAAAATGTTT ATGTATGCAA AATAATGAAT AATTACAGTT	2700
	ATTAAATATA CGCTATTTCT TGTAATTTTT CAAGATGAAT TCAAAAAAGG TTAAGTACAA	2760
20	TTACTGATTT CGTACTTAAC CTTTTTTAAA CTCTAATCAT ATGTTAGTTA TTTTATTTCT	2820
	CGTAATAATA TTAAGAAGTA TGGTGCACCG ATAATTGCAA TGATAACCCC AACAGGAATA	2880
	TCCAGTGGCG GATGAATGCC ACGGGCTAAA CCATCTCCAA ATGTTAACAA TATAGCACCA	2940
25	ATTAACCCCG ACATGATAAT AACGTGTAAT GTTTTATTTT CTATTAATTG TCTCGCAATA	3000
	TGAGGTGCAA TTAATCCTAA AAAGCTAATA CCACCGACAA CTGAAATTGC GGATCCTGCT	3060
30	AATATTACTG CTAAAATTAA CAATAGCATT TTAATAGTTT TAACTTTTAA ACCGAGTGCG	3120
	GTGCAACAG CATCACCTAG ATTCAATACA TCTAATTGAT AACTCAATAA AATGATGATT	3180
	GGTATCGTTA TTA AAAACCA AGGTAATATA GTATAAATAT TCGACATATC ATGTCCATAT	3240
35	AGACTACCTG TCAACCAAAC AAGCGCTTTG TTTGCTTCCA GTGGATTTCT GATTAATAAG	3300
	AACTGCACAA TCGCCGTACA TATTGCGCCT ATTGCTAAAC CAATTAAGGC AAGCTTTGAA	3360
	CCTTTAACAT CATATTTTGA AATTAAAAAT GATAAAAATA AACTTACTGC AAAGGCACCT	3420
40	AAGAATGAAC CTATAGGTAA TACAAACAAT GGTGCTGTTG GAAAGGTCAT AATAATAATC	3480
	ACAGCAGCTA AACTGGCACC TTTAGAAATA CCTATAACAT CAGGTGAGGC TAACGGGTTT	3540
	CTTATTACAG CTTGTATAAT TGCACCTGAA ATAGCCAAGC TACTACCGAT AATAATACCA	3600
45	AGTAATGTTT TAGGTATACG ATACTCATTT AAAATAAAAT CATCTTGTGT AAAGATTCCC	3660
	TTAATAGCAT CAATCGGATG AATCATGACA GACCCTACAC ATAAACTTAT GAATATACTC	3720
50	ACAATTAAAA GGATTGTGAT TAACTATAA CGACGTATAA TTTTCGTTGT CATCATATTC	3780
	TTTTACCCC TTTAATCGTT ATAAATAAGA AGTAAAGTGC ACCTACGAAT GATGTAACAA	3840
	TCCCTACTGG TGATTCATAA GGATATGTAA TTAAACGACT TAATACATCT GATAGTAGTA	3900

55

AGCGTTTGAC TATATGCGGT ACGATTAAGC CAACAAATCC AATTGGTCCT GCCACTGACA 4020  
 CCGACATACC TGTAAGAATA ATGACTAATA GTCCAATGAT AATTCTAACT TTATTTATAT 4080  
 TT 4082

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 262:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1145 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 262:

TATTAGAAGG TCGTTCGGAT GAACAATTAA AAAATTTAGT TAGCGAAGTA ACTGACGCCG 60  
 TAGAAAAAAC AACGGGGGCA AATAGACAAG CAATTCACGT TGTTATAGAA GAAATGAAAC 120  
 CAAACCATTA TGGTGTGGCT GGCCTAAGAA AGTCAGATCA ATAATTCTTC ATAAGATGCA 180  
 TGCCAATTAA TTCTTTGAAA ACGAACAAGG CGACTTCTAT CTGAGTATGA TAGAAATCGC 240  
 CTTGTTTATT TTTAATCTTC ATCTAAAAAG TCTTTAATAG CTTGTTTATT TGTGTTTTTA 300  
 TTAATCTGTA ATGCACTACC ATCAGTATTT GTATTGACAT CytCGTATGA GTTCTTGATT 360  
 GGCacAGTCA ATGACTTAAC ATCTTTTTCA CCTCGGATAC CaAAACTCAA ACCTGTTTGG 420  
 AAAATCCCTG AATCAGGAAT GTTTGTATTC ACATAGCCTC TTAAAATACC TGCAACTTTT 480  
 GGTAAATTTAA CAACTGTTCT AAAATTAACC ATTTCTTTTT TCAATGTTTG CATCACTTGT 540  
 TGCTGACGTC GCACGCGTCC GAAGTCACCT TCAGGGTCGT GACGGAATCT TGCATAACCA 600  
 AGTAATTCTT TACCATTCAA CCTATGGTTA CCCTTTTTCA AAGATACACC AATATTTTTT 660  
 GACATATCTT TTTGACATT AATTGGTACA CCTTCAGGCA TTAATTCATC AATCATTTTC 720  
 TCAAATCCAG TAAAATCAAC TACTGCATAA TATTCAGGAT TAATTCCTAA ATTTTATCA 780  
 AGTGTTTTTT TAAGTAGCTC TGGACCACCT AAAGCGTATG CTGAATTAAT TTTGTGTTTT 840  
 CCATATCCTG GAATATCTGC ATAAATATCA CGCATGACAG ACATCATTTT CATCTTTTTA 900  
 TTGATAAAGT CATATTGAAC AACCATGATA GAATCTGTTT TTGATTGTCC ACCTGTGCT 960  
 TTATCTGCAC CGAGTACAAG AATAGAAATT nTACCATCAT TTTTACTGG TCCATTAAAT 1020  
 TGATGTACTT TAACATCTTT CGCATGTTT TTGGCATATT CTACACCGCT ATTGTAAC TA 1080  
 TGTACAATAT ATACAACTAA TGCCGATAAG TAAAATTACA ACAATCAGAA GAATGATAGG 1140  
 TAATT 1145



## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 7075 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 263:

10	TATGGCTCAT CATTAAATGCA CGTATCGGGT AGCGTTTACC ATTGATAAGT GCTTCATGTT	60
	TAGCACGAGT TCTTAAAATT CCATCGCCAT AACCGATATC AACTACAGCT AATTTTGTAT	120
15	TGTTTTTAGT CACTTCAAAG GCAAAGCTAT AACCGCAATA ATCACCAGCT TGTACTTCGC	180
	GCACTTGAAT AACATGTGCT TTTAAAGTTA ATGACTGAAC TATATCATGT TGATTCAGTG	240
	AACTATATGG TCTTGAACCG TATAACGCAA TACCTACACG CGCATGTGTA TGGTGGGGTA	300
20	GTAATAYYYY TCCTTCCCGA TAAAACTCG CACTATTTTG AGCATGGATT AGGTGGAAGT	360
	GATAACCTTC AGATAAAAGT GCTTCAACAA TTTCCATCCA TTGTGAACGT TCAACATTAT	420
	AATCTGACAC ATCGAATTCA TCAGCATATC CAAAATGGGk CCATAAACCA CTAATAATCA	480
25	TTTTTGCAAT TTGATTATGA TGGTGATCTT TCAATACTTC TTTAATTTTG TTTAAATCTT	540
	TAAATCCAGA CCGATGTAAT AAATTTTCAA ATTCTAAGTG AACATGAATA CCAGCTAAAT	600
	CATTTTTATG GTTATAGTAA TATGTCAACG ACGGCAAAGT CATGTGTATT TGATGTTTAC	660
30	GGACTAAATC AAACCTGTAA ACTGCATTCA TTAAAAAGAT TGTTCATCTT GGAGCAAGTT	720
	GTCTAATTTG AATTGCTTCT CGTAGTGATG TTGTGCTAAA TGTATCTATA CCTGCATGGA	780
35	TAAACTGAGT TACAGCAAAT TCTAGGTCAT AGTGATATGC ATTATTTTTA ACAACTGCCA	840
	TTAATGGCTG ATTGTTTTTG ACTGTGATTG CATTTTGTA AAATATTTTC TTATTTACAG	900
	ACCATGTTGC TGTCAATGTA TTACACCTCT TTGTAATTAT TTAATAAATT TTCGTAAAAA	960
40	TTAACCACGT TTATTAACAC TTTTTCATCA AAATTTAAAT GTGATGTGTG CAAACCAGTT	1020
	ACAAAACCTT TATCTTCATT TCGTGTTCCT ATAAAAACAA AGTAAGCTGG AGCTAGTTGT	1080
	TGACCATAAA AACTAAAATC TTCCCAAAT AAGAATGGCG TTGGTTTGTC ATAGACATTT	1140
45	AAATCAGCTT TTATTAAGGC GTCCTCTATT TGAGTACGTA ATTCGGACT ATTGATTGTA	1200
	GGGGGATAAC CTTCTGCAAA TTTAACTTCA CAATCTACAT TAAACAGAAG CTTGACACTT	1260
	TCTGCTATCT TGTGCATTG ATTTTAAACG ATTGTTAAAT CATCAATATC ATATGTACGA	1320
50	ATAGTACCTT CTAAATAGCC ATTACTGGT ACAGTGTTAA TCGCTTCACC AGCTTTAAAA	1380
	TGACCAATAT GAACAATATT TCGTTTCAA CCGTTAAGGT GAAATTGTTG AATTTGTGAT	1440

	ACATGACTTG ACAGGCCTGT TAAGAAAAG CGATACTCTG TTGCGCTGGC CGTAATTTCT	1560
	TCATCTCTTA TCACTGCAAT GCCTTCATCA GCAAATGGGT TAACATGAAT ACCAAATACC	1620
5	GCTTCAATTG GATACTTATC AAAGGCACCG GCTTTTATTA ATCGATTTGC ACCGCCACCA	1680
	GTTTCTTCTG CAGGTTGGAA AATGAAAACG ACATTTTTCG GTAATTGACC TGCATCTTGC	1740
	ATGTCTTTGC AACGTTGTAC AAAAAGCATT AATGCAGTTG TATGACCATC ATGTCCACAA	1800
10	GCATGCATCA CATGATCAGA TTGACTGCGA TAAGGCACAT CATTTTCCTC TAAAATAGGT	1860
	AACGCATCAA TATCAGCTCT ATACGCTATC GTATGTGAGC CATTACCTTC TAAGTATGCA	1920
15	ATGACGCCAG TTTCCAATGG GCAATCGTAT TTAATATTTA AACTATCTAA AAACGCTTTA	1980
	ATATAAGCAG TTGTTTCAAA TTCATGTAAG CTTAATTCAG GATGTTGATG TAAATGACGG	2040
	CGATGTTTCG TAACAAATTC TAATTCATTC ATAATTATCA ATCCTTTGTG TTAAATTACT	2100
20	ATATAAATAG TGTAACGtAT TTCGAAATTT GTGATCATAA GTTTATTCAA TGCTAAACAA	2160
	TAAGGTTGAG ACATAATCGT ATCTCAACCT TGAAATTATT ATACGTTGAC GTCAGTAGTC	2220
	ATTCAGTTTT CTTAATGCTG CTACAATCTC TTTTTTAGTA TCTTGTACTT CAGAAGCTTG	2280
25	CTTAATCACT TTTCGAGGTG TACCAGCAAC AACTGCACCA GCTGGTACAT CTTGTGTACAC	2340
	AATCGCGCCA GCTGcAACAA TAGCACCTTT ACCAACACGT ACACCTTCTA AAATAACTGC	2400
	ATTTGCACCG ATTAATACAT CATCCTCGAT TATAACCGGT GAAGCACTAG GGGGTTCAAT	2460
30	CACACCTGCT AATACTGCGC CAGCCCCcTAC ATGTACATTT TTACCAGTTG TAGCACGACC	2520
	ACCGAGAGTA GCATTATAT CAATCATTGT ACCTTCGCCA ACGACTGCGC CAATATTAAT	2580
35	TGTTGCGCCC ATCATAACGA CAGCACCATC TTCAATAATG GCTTGTCTC TAATAAACGC	2640
	ACCTGGTTCA ATTGCTGCAT TCGTATTTGT TAAGTCTTTT AATGGAATAG CAGAATTGCG	2700
	ACGATCCATT TCAATTTCTA TATCTTCGAA TTGACTACCA TATGCTTCGT AAAAAGGTTT	2760
40	CCAATCATCC GCTTCACAAA AGATTACTTT AGATTGTTCT GAACCAAATA CTTTAAACT	2820
	TTCTGGATAT GTGATGCCTT CAAAATTACC ATTTAAATAT ACTTTTATTG GTGTAGACTT	2880
	TTTAGCATCA CTTATATATT GAATAATTTT TTCAGCTGTT AAATGTTGTA CCATAAAATA	2940
45	ATCGATCTCC TTTAATATGT TTATAAGTTG TCAAACGTAT AAAAGCCGTT TGGTTTATTA	3000
	ACTAAGCGTT CTGCTGCTTG TATTGCACCA TTCGCAAAA TATCTTTTGA TTGTGCACGA	3060
	TGCGTGATTT GAATCGTTTC ATCAGTGCCA GCAAATAGAA CTTCATGTTT ACCGACAATC	3120
50	GTACCTCCAC GAATAGAATG TATACCAATA TCTTGTGGCT GCGTTTTTTC ATTTAATTCA	3180
	TGTCTATCAT ACACAGGTGT TACATTTTCT TTCAAAGATA CGATCACATC ATACAATTTT	3240

55

	TCGAAATCAT CAAGTAGGGG AACAGCAGCT GCTAAAATTT TAGTCAATGC ATGAACGCCA	3360
	TAACTCATGT TCGCGCTGAA AAACACAGGC ATATTTTGAC TCAATTCATC TAACTTATTA	3420
5	AGTAGTTTTT CTTTCTCGnC CAGTgTTGCC ACAACTAATG GCAAATGAAA ATCTTCATCT	3480
	AATAAAGGGA AAAGCAGATT TGGATTTGAA AAATCTATTG CAACATCGGC ACCTTTAACA	3540
10	TCTGCAATAT GTTGATATTG TTGATATGGC GTTGTTGCTT TCGGTGTATT TTCAATGACC	3600
	CCAACGATTT CATGTCCTTT TTCTTCTGCT AATCTAGCAA CGCGTTGATT CATTGCGCCA	3660
	TAGCCAATTA GTAATATTTT CACTCATTTT CACCCGCTTT AAATGTGTCA TATGTTTCAC	3720
15	GAAGCACTTT AGTATCTGTA TCTTCTAGGC TAACCAATGG TAGACGTAAT TCATAATTTT	3780
	CAAATCCTAA ATAACCTGTT AGAGCTTTAA TAGGAATTGG GTTAATATCA ACTGATAAAG	3840
	CTGATAACAG TGTGCCGATT GGTTTAAATT GATCTTGAAT ATCTAATCCA CTTTGTGAG	3900
20	CATCGTATAA CGCTTGAAAT TCTTTAGGAA TGACATTGGC AATAACAGAG ATAACCCCTT	3960
	GACCGCCACG TTGATAGTAT TCGACGACGT TGTCAATCATT GCCACTATAT AATGCAAATG	4020
	AATTTGTATC AATGCGCTTT TTCACCTCTT CTAAATACTC AAAATCATTG GTAGCATCTT	4080
25	TTAAAGCAAC TATATAAGGA TGTGACTTA ATATTTCTAC AGTTTCTGGT TCAATTGTCA	4140
	TGTTCGTTCT TGAAGGAACA TTGTACAGCA CGACTGGTAA TTTCACAGCA TCTGCAATCG	4200
30	CTTCAAAGTG TTTGACTAAA CCACGTTGGT TCGTTTTGTT GTAGTAGGGC GTAATTAACA	4260
	TAATTGCATC AGCCCCTAAG GCTTTAGCTT GGATTGAAGC TTGGATTGAC TTTTCAGTAT	4320
	CATTAGTGCC AGTTCCTGCT ATGACAGGAA CACGTTTATC TACAAGATCA ATAAGTGT	4380
35	TTAGAATGCG TTCTTTTTCA TCTGTTGTTA AAGTAGGGCT CTCAGCAGTA GTTCCATTAA	4440
	CGATGATTGC TTGGGCATTA TTTTCTAGTA AAAAATTAAC GTGTGTTTTT AAAGCTTCAA	4500
	TATTAACCTT GTTATTTGTA AAAGGGGTTG TAAGTGCAAC SCCAACACCC TCAAATAAAT	4560
40	GTGTCACTTT AATTCGCTCC TTTTAAACGC ATAACCTGTT CCAATACTG TACAGCATTT	4620
	AATGCAGCAC CTTTTAATAA ATTGTCTGAT GTACACCATA CATGGAAAGT ATTTTCTAAT	4680
45	GAATCATCTC TACGTATACG GCCAACAAAC ACTTCATCTT TATTAGTAGA ATTGATTGCC	4740
	ATTGGATATT CATTGTTCTC TGGATTGTCT ACTAAACAA CGCGGTCATC TTGATCAAAT	4800
	AACGCTTTAA TATCTTCTGC TGTGTTTTCT TTGTCAAGCG TTACATCAAT TTCAACACTA	4860
50	TGACTATCTT GAACAGGCAC ACGTGCGCAT GTTGCTGTTA CTTTTAAGTC TGGCGCATTT	4920
	AAAATTTTTT TCGTCTCATC AATCATTTTT TGTTCTTCTT TTGTATATCC GTTTTCTAAA	4980
55	AACACATCAA TATGCGGTAA CACATTATTA TAAATTGGAT GTGGATATGC TTCTGGTGCT	5040

	5160
	5220
5	5280
	5340
10	5400
	5460
	5520
15	5580
	5640
	5700
20	5760
	5820
	5880
25	5940
	6000
	6060
30	6120
	6180
35	6240
	6300
	6360
40	6420
	6480
	6540
45	6600
	6660
	6720
50	6780
	6840
55	

TAATCTATAT ACAAGTGATG CACTCCATTA TTTTAAATA ATGACAACT CTCAGCTCTT 6960  
 AACCAAAAAG TCCAACAAAT TATAACTGCT ATTATAATTG CTTCCGGCATC GCACCCCTTTC 7020  
 5 AAATTTAGCT GTTAGCAGAC AGTAATCTAA ACTTTACTCA TGATTGATGC GCCTC 7075

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 264:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 264:

AGACGTACTT TGTGATTmCG AAGyrCGTAC TGmAGCACTT GTCGACGTTG ATGTACTTGT 60  
 20 TGAACCTGAT TGA CTAGTAC TTTGTGATAA TGA CTTACTA TCAGAATCAG ATGTACTTTG 120  
 TGAATCACCT AATGATTCTG ATGTACTACC TGA CTGAGAC GTGCTCATTG AACTACTTAC 180  
 GGACATTGAT TTA CTGTCTG ATGCAGATAA TGACCCACTT GTACTGATAG AGTCACTTAC 240  
 25 TATCTCTGAA GTACTCATCG AGTCTGATGT ACTTGTGAG ACACTTTGTG ATGCTGCTAT 300  
 GCTTAGTGAT CCAGAAACAG AACCACCTTGT GCTCGTCGAA TCGCTCAATG ATTCTGATGT 360  
 ACTCATCGAT TTTGAATCAC TTGACTTTAA TGATATTGAT GTACTTTGTG AATCTGATTT 420  
 30 GCTTGTGAC GCACTTTGAG AGTTGGCTAT GCTATTTGAA ATACTGATAG AGTCCGAGGT 480  
 GCTAGCTGAC TCGCTCAATG ATGTTGATGT ACTAATTGCA TTCGATGTAC TGCTACTTAA 540  
 35 TGATGCTGAT GTACTAGACG ACCCTGATAT ACTCGTTGAT AAGCTTTGTG ACTTAGACAA 600  
 GCTTCCTGAT GTACTCATA TTAATGAGTC ACTGAGTGAT GTTGATGTAC GCAATGAATC 660  
 AGATSTACTT GTTGATAGAC TTTCCGATTT TTCAGTACTG CTAGAGTTTG AAATAGAATC 720  
 40 GCTTAATGAT GTTGATTTAC TAGCTGAATC CGACATGCTT GATGATACAC TTTGTGAATT 780  
 CACTAAACTT GTGCTTGTG AGCTTGATAC ACTATTACTT TCAGATGTGC TTAATGACTT 840  
 AGATGCACTC ACAGAATCAG ATAGGCTTAC ACTTGTCGAT TTCGAGGTAC TAGCTGATGT 900  
 45 AGATAACCACA ATCGATCCTG ATGTACTCGT TGATGCACCT TGTGAGTCAG CTTTACTTGT 960  
 TGACACACTT TGAGATTGTT GTGTACTTCC TGATGTTGAT ACGGAATCAC TCATGCTATT 1020  
 TCTTGTTACT TCATATTTAA AAGTTGTCGT CGTTTGTGTA CCGCTCGCAT CTGTAGAAAC 1080  
 50 GATTGATATA GTACTTGTAC CAATGTTTGT TGGTGTACCA CTAATAGTAT TATTTGTACT 1140  
 ATCAAATGTT AGTCCGGATG GCAATCCAGT CACTGTATTC GTCACCGCAT TTCCACTGTT 1200

	ATTGGTGTCA CTGTTGGTGC TGTCGTATCC ACAACATTTA TTGTAAAAGT TGTCGTGAT	1320
	TTGTTATTTG CTGGTCACT AGACACAACCT GTCAGTGTG ATTGACCAAT TTTTGTGGT	1380
5	GTCCCAATGA TTGAATTCGT TGCACTATCG TAACTTAATC CGCTGGTAA TCCTGTAAC	1440
	GTATTTGTCA CAGTCCCACT ACCATTATCC GTTGTAGTCA ATACAATAGG ATTCATTGTT	1500
	TTACCCACTT CTATGGTTTG ATTGCCTACA GTTACAGTTG GTGCTTTTAC ATCAGTAAAA	1560
10	TAATATGTCA CTGATTGTCC AGCATTCGTC ATTTTACAG TTTTATTTGT ATCATTATAA	1620
	GTTGACGCAT ATGAACTATC GACGGACGTG TAGTTATATC CTTTAGCAGT CAATGCAGAT	1680
15	TGCTGATTAT CGATTGTAC GACTTGATCA ACATTTCTG AATATGTTTT TGGTGGAATA	1740
	ATATCTTTAC CTGTTGTTAC ATCAACGTAT CTCATTGTG TAAACAGCAGA CTCTGTATAT	1800
	TCGAATGTTT CAAATTGTAC TTGTTGTAAA TTTGTGCGCG CACCTGTTGA GGCTGTCATT	1860
20	GATAATGAAA AGTTGGTCGT ACCACTTTTC GCAATCCAAT CTGAAATATT ACGTGTCCAT	1920
	TTTTGACCTG CATATTTGAC AGTCATAACC TTTGTATCAC CATTATAGTT AATATCAAAA	1980
	TCTTGGAACG TGTTATTTGT AGGTTGACA TTTAACTTCG CAGCATTATC AGCTGTTGAA	2040
25	CTTGATGTAT ACGTTGTCGC AACACCATAA CTATCTGTTG TTACAAATGC ACCAAACGCA	2100
	CCTCCACCAG CTACATTAGA TGGGTCAGCA TTCGCCTTTG CAGCTGAATT TGGTTTAGAT	2160
	GTATTGTGAT ACGTATCCAA TTTGAAGCCA AATGCGTTAC TTAAGCCACC AATACCTACT	2220
30	GCGGCACCGT TTAACCCTGT TTCACCTAAT ACACCTGGTG AAAAGGCAA ACCGATACCA	2280
	TCTCCACCAT TTCCATGCCC TTCATATTTG TTACCTAAAT TTAATTTTCC AGAAAAATGA	2340
35	AAACTCTTAT TAGAGTCAAT ACGTGTTCCT AATGTAATAG CACCTTTTTG GCTGTATGCA	2400
	TCCTGTGTTA ACGTCACAAT ACCGGTACTT TGATCATAGG TAGCATTACC TGACGTTGTC	2460
	ATATATTGTT TTAAGTTATC TTTATTAACCT GTAATTGTAT TAGCAGTTAC TGCGGTTGTC	2520
40	GTCGCTGCTG ACGCAAATGT TGACATAGCT AAGCGACTGA AAGTTCAAG TTTTACTGGT	2580
	GCGGTGCTAG TTGACGTTGT GCTAGTTTTG TTTAAGTTGA CCGAAGATGG CGTTGTGCTT	2640
	TGTGAAGTGT TATTTGATGC AGTACTTTGA TTTGTTGATG TATTAATTGG TTGTTCTGTA	2700
45	CTTGAAGTTG AAGCTACAGA TTTAGTATCA GAACTTGATG TAGTATCTT TGAGGATGTT	2760
	GATTCTGATG TAGATGTCAA TTTCTCTGTG TGATTGCTTG TACTATTAGT TGTCGAAGTG	2820
	ACCTTTTCAG ACTTTTCACT TGAGACTGTG TCACTATTTG ATGTTTGTAC CGAACTACTA	2880
50	TTTTCGTTA CACTTGTGGA ATCGGCTGTT GATGTTGATG CTTGATTGT CGTTGAGTTT	2940
	TGATTACCTA CTGTTTCACT TTGTGTGTTT AATTCAGAAG TTAATGGTGC ATCAGAAGCC	3000

	GTTTTCAGTC	CGTATCCCGT	CATTTTTTTT	CTAATGCTTT	GATTATCTTG	ACTCACTAAA	3120
	CTATGACTAA	TAAATGGTAG	CCCCATAATT	TTGAACATTT	CTATTTCTTT	AATTCGGGAT	3180
5	TTTACCCAAT	TTTTTCCAGA	TTTATAAAGT	CTTACTCTTG	TTTTTTCGTT	TGCTAAGCTG	3240
	TCATGAAATG	CTTTCTGTCT	TTTACTCATG	TAATAACTCC	TTGTATTATC	TTTACATTCA	3300
10	TTAGATTATA	ATATATGCCA	CTATTCAATT	TAATACAAC	CTTTTTTGAT	ACAAAAATAC	3360
	TCATTTTGTT	AAAATTTGTA	AAAATTCatt	TTTATTCGTC	TAAATGTAAT	CGTTTTTCATA	3420
	TTTTTAAAAT	TACTTTTTCT	CGTTTATGCG	TATAATCTTT	TTTTATATAA	ATTTGGCTAA	3480
15	TTGGCTTTAT	GTTTAATCAT	TATAATTGTT	TCGTTTTTAA	AATAATTATT	GTATTAATAT	3540
	ATCTATACCA	TCCACCTTTT	ATTTATAAAT	AGTTAATTTA	CAACTAAACG	ATAAATATTA	3600
	TATGCAAAAT	ACATCTTTAA	TATTAAAGTA	ATACCAATAT	TTTTTCAATA	AACCTAGTGT	3660
20	AATATATGTG	TAATTCTAAA	AGATTCTTCT	TTAAAAATAT	AAATACCACG	ACATATTGCT	3720
	TTAACATTTT	CATTTATAAA	GCGAAAAAAT	GCATCGCTAC	TAAGTTGAAT	GTTTAGTAAG	3780
	GATGCATTGA	ATTCACTAAA	ATGATTAAAT	TACTTATATC	TTTTCATCTG	ATTGATTATC	3840
25	GAAATTTCTT	CCTTCTAAAC	CTGCTAACTC	TTCTTTAGAA	GCTGCAGGTG	CTTTCATTTT	3900
	AAATATCTCA	TTCCTACTG	TGTAATCGTA	ATATCCTAAT	CTGGCAATAG	GTTTAATCGA	3960
30	CTTAATGTCC	AATTTACCAT	TATCAAGAAT	AACCTTATCG	TCAATATGAA	CTTGGGCAAC	4020
	TCTTCCTATA	ACAATATCTA	CGGTAGATAC	TGGATCTCCA	GTTGGAATAC	GAATCGTTTG	4080
	AACGTACTCA	CATTCAAAAT	GAAGTGGCGA	TTCTTTTACA	CGATATCCTG	GAGCTTCTAT	4140
35	ACATTTTTCC	TTTGTTACAC	CTGCAAAATT	AAATTCATCC	TCTTCTGGTG	GCAATGCTTT	4200
	CGATGATAAA	TTAACTGCTT	CTCTTAAATC	ATACGTTGCC	ATATTCCACA	CAAACCAACC	4260
	TGTCTCTTCA	GCATTTTTCA	CTGTATCTTT	ACGTTCTGTA	TCACCAAGAA	CGGATTGATT	4320
40	TGCTGCGAAC	ATAACCATAG	GCGGATCCCA	AGTTAAGTTT	TGATACTGAC	TATAAGGCGC	4380
	TAAATTATCT	TTCCCATCTT	TCGATACAGT	AGAGATCCAC	CCTATTGGAC	GTGGTACTGT	4440
45	ACTACTTTTA	AATGGGTCGT	GCGGTAAACC	ATGACTTCTT	ACACCTTGTT	TTGGCGAATA	4500
	ATTCATACTA	TCTTCACCCC	TTATAAGTAA	TTACATTTAA	GGTTACGCCC	TCTTTACATA	4560
	AGCGTCTAAT	ATAAATAAAC	AATTTATTTA	TAAGTAGAAA	CTATATATGA	CGTGGTTGCT	4620
50	TATAATTTGC	GTTCTTGATT	CGAAAAATTC	AGATAAGGAT	TTATACAATT	AATATTTATG	4680
	ATATCTTTTG	TAAATTTAAT	TAATTATAGT	TACTTCAATC	ATGATTAGTT	TATAATAATA	4740
	AAGTGAAATT	GAAAAAGACA	GCTATTATGC	GATGAGCGAA	AACTTCAAG	TAAAACAAGA	4800

55

TAAGTTCAAA AAAGAATTCA AACCTGTTAT GCACTTAAAA GGTGATGCAT TCAATCAACA 4920  
 GTTACAATCT TTGATTAAACA AATATCCACA AATACAAAAA AATATGAAAT CAGAGTTCAT 4980  
 5 TGCTTATTAT GATAAAGAAA AAAATAGAGA AACAGTAAAA AACTATGCTT GGAACCTTCA 5040  
 AAAATCTATA AATGACATTA TGCAATCATA TCCTAGCACA AAATTTGTAC AGTTTTATAA 5100  
 AAGATGATGT TTCCCGTCA ATGGTAGATG GAAATGGCCG TTAAATCG GGATACTAAT 5160  
 10 GTATTTCCAT C 5171

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 265:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3589 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 265:

CTACACACTA AACCTATTTT AGTTATGGGT GGTACAGTGA TTCTCTTTTC ATTTTTAATA 60  
 25 GGTATTTGGA TTGGTCATCC TATTGAAACA GAAATCAAAC CACTTATTAT TGGTGCGATT 120  
 ATTATGTACG TACTTGGGCT TGTAGATGAT ATCTACGATT TGAAACCGTA TATAAAATTG 180  
 GCTGGTCAAA TTGCCGCTGC CTTAGTAGTT GCTTTTTATG GTGTGACTAT TGATTTTATT 240  
 30 TCGTTGCCAA TGGGTACAAC GATTCATTTT GGAATTCCTA GTATTCCAAT TACTGTGATT 300  
 TGGATTGTTG CTATTACAAA TGCAATTAAC TTAATTGATG GACTCGATGG TTTGGCGTCG 360  
 GGTGTTTCKG CAATCGGACT CATTACAATA GGGTTCATTG CAATTTTACA AGCTAATATT 420  
 35 TTCATAACGA TGATTTGTTG TGTTTTATTA GGCTCTTTAA TTGGGTTTTT ATTTTACAAT 480  
 TTCCATCCTG CCAAATATT TTTAGGTGAT AGTGGGGCTT TAATGATTGG ATTTATCATC 540  
 40 GGATTCCTTT CTTTACTCGG ATTCAAAAAT ATTACAATTA TTGCATTGTT CTTCCCAATT 600  
 GTTATCTTAG CAGTTCCATT CATTGATACT TTGTTGCAA TGATTCGACG TGTGAAAAAA 660  
 GGGCAGCATA TAATGCAAGC TGATAAATCG CATTGTCATC ATAACTATT AGCTTTAGGC 720  
 45 TACACACATA GACAAACAGT ATTATTAATC TATTCAATCT CTATTTTATT TAGTCTTTCG 780  
 AGCATTATTT TGTATGTATC GCCACCATTA GGTGTTGTAT TAATGTTTGT ATTAATCATA 840  
 TTTAGTATTG AATTAATTGT TGAATTTACA GGATTAATAG ATAACAATA CCGACCAATA 900  
 50 TTAAATTTAA TTAGTCGTAA GTCATCTCAT AAAGAGGAAT AGGGAATGAA AGCATAGCTG 960  
 TATGGGATAA TTTGTATTAT ATGGCTTTAC TCTTTACAAT TTTTTTGTAT TAAATTTCAA 1020



	ATTACCGTC TTATGATAGT GCTTTTTATT TTTATTCAGT TGGTATATCG AAAGGTAAC	1140
	GCTTTGGAGT TTCTTCAGTC AAATCGAAAT TTCCTGCAGT CATTTGATT AAAAAGTTAA	1200
5	TAAACGCTTC ATAGTCACTT TTAACGACAT CGATATAGTA GCTTACCTTA TCAGTGTAAG	1260
	TTTGTTTCT TAACATAAAA TGAGTTGAAG CTAATTCATA TTCAAATTA CCAGTTTGAT	1320
10	CATAATTCAG TGTTACTATA CATGGTACTG CTTCTCGTAG TTCGACACGC CCGATATCAT	1380
	AAATGACGTC TCTAACAGCA CCGCTATAGG CGCGAATTAA ACCGCCACCA CCTAATTTAA	1440
	TACCACCAA ATATCTTGTT ACTACGACAC ACGCATTATG aACATCGrGC TTTTTTaATA	1500
15	TGTCTAACAT TGGGaCACCG GcAGTTCCtG TCGGTCACC ATCATCATT GCnTTTTGAA	1560
	TATTCATTtC AGGTCCAATA GTATATGCAG AACAATTATG AGTGGCATCT TTATGTTCTT	1620
	TTTTTATTGC AGCAATAAAT GCTTTaGCTT CATCTTCATT TTGAACAGGT TTGATATGAG	1680
20	CAATGAATCT TGATTACTA ATCACATTTT CAATAATGTG TTCTTTTTTA ACAGTAATGA	1740
	TATTTTGTGT CATAATAACT CCTTAATTCA TAAGCTTAAG ATTATTTAAT CTTCATTATA	1800
	CACTGAAAT GACATGACTA TAAATCGTTT GATTGCCATT TTCTTTTTAA CTGAAATATT	1860
25	GTATCATTGC TATGAGTATA TTTTAGGAGG ACGACTATGA AAATTGCTGT GATGACCGAT	1920
	TCTACAAGTT ATCTGTGCA GGACTTAATC GATAAATATA ATATTcAAAT AGCGCCATTA	1980
	AGTGTGACTT TTGAAGATGG CAAGATTATA CCAGAAGAAA AAGTTCGTAC TAAAAAGCGT	2040
30	GCCATTCAAA CATTAGAAAA GAAAGTATTA GATATTGTAA AAGACTTTGA AGAAGTAAC	2100
	TTATTTGTCA TAAATGGAGA TCATTTGAA GATGGTCAAG CGTTATACAA AAAGTTACAA	2160
35	GATGATTGTC CTTGAGCTTA TCAAGTAGCA TACTCTGAGT TTGGTCCAGT TGTTGCAGCA	2220
	CATTTAGGTT CTGGTGGATT AGGTTTAGGC TATGTTGGCA GAAAAATAAG ATTAACATAA	2280
	TTAATAAAATT TTAATAAAAG AGTCTATATT GTAATTGGAA ATTATCTCTC GTATACATGG	2340
40	CTTTAAATGT TCATCATTTG AAAGCCAAAA TGCTAAAGAT ATAAGAAAAT CATTATAATA	2400
	TTAGGCTCTT TTTTACGTTG AAATGAGGTT TTAAGCATT AACATTACGG GAAATTAATT	2460
	CATCCTCATA CTTCACTTAC TAATGAAAAA ATTAATAAAG AAGTAACAGG TGTCATCAA	2520
45	CAAAATTCAA ACTATTATTG TGTTCAATGT GAAAGTACAA ATCCAAAGCA TTTTATCAG	2580
	TATGATTCCT CAGTACATTC CAAGAAAATT GTATATTGCA GAAATTGTAT ATCACTGGGT	2640
50	CGAATGGATA ATGTAACAAG ATATAAAATA ACAGAGAGTT CGCAAAGTTC ATCACAAGCA	2700
	TATTATCATC TCTCATTTGA ATTGTGGAA CAGCAGTCTT ATGCCTCAGA ACATATTGTT	2760
	CGAGCCATTA GAAAGAGACA AACGATTTTG TTATATGCCG TAACAGGTGC AGGTAAGACA	2820

55

TCACCACGTG TAGATGTTGT TGTAGAAATT AGTAAACGTA TTAAAGACGC ATTTCTTAAT 2940  
 GAAGATATAG ACATACTACA CCAGCAATCA AGACAACAAT TTGAAGGGCA TTTTGTGTGA 3000  
 5 TGCACAGTGC ATCAACTTTA CCGATTCAAA CAGCACTTTG ATACTATTTT TATTGATGAA 3060  
 GTCGATGCCT TTCCTTTATC AATGGATAAA AATTTACAAC AAGCATTGAA GTCATCTTCT 3120  
 AAAGTTGAAC ATGCAACAAT TTATATGACA GCAACACCAC CGAAACAACT TCTGTCAGAG 3180  
 10 ATTCCCCACG AAAATATAAT TAAATTGCCA GCTCGCTTTC ATAAAAATC ACTTCCAGTT 3240  
 CCTAAATATC GTTATTTCAA ACTTAATAAT AAGAAGATTC AGAAAATGTT ATACCGAATT 3300  
 TTACAAGATC AAATTAATAA TCAACGTTAT ACACGGTGT TTTTAAACAA TATAGAAACA 3360  
 15 ATGATTAAAA CATTTTCGGT TTATAAGCAG AAAATTACTA AATTAAACATA CGTCCATAGC 3420  
 GAGGATGTTT TTCGCTTTGA AAAAGTTGAA CAATTAAGGA ATGGACATT CGATGTCATT 3480  
 20 TTTACTACGA CAATATTAGA ACGTGGATT ACAATGGCAA ATTTGGATGT TGTTGTTATC 3540  
 GATGCACATC AATATACTCA AGAGGCTTTA ATACAAATTG CTGGACGTG 3589

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 266:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1017 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 266:

TTTCCAAGAA GGcTTgAAAA AtGTTwCaAg TGGTGCgAmC CCAGTTGGTT TACGACAAGG 60  
 35 TATCGACAAA GCAGTTAAAG TTGCTGTTGA AGCGTTACAT GAAAATTCTC AAAAAGTTGA 120  
 AAATAAAAAAT GAAATTGCGC AAGTAGGTGC GATTTAGCA GCAGATGAAG AAATTGGACG 180  
 40 TTATATTTCT GAAGCTATGG AAAAAGTAGG TAACGATGGT GTCATTACAA TTGAAGAATC 240  
 AAATGGACTA AACACTGAAC TAGAAGTGGT TGAAGGTATG CAATTTGATC GTGGTTATCA 300  
 ATCACCGTAT ATGGTTACTG ATTCAGATAA AATGGTTGCT GAATTAGAAC GCCCATACAT 360  
 45 TTTAGTAAAC GATAAGAAAA TCTCGTCTTT CCAAGATATC TTACCTTTAT TAGAACAAGT 420  
 GGTTCaATCT AATCGTCCAA TCTTAATTGT AGCTGATGAA GTTGAAGGCG ATGCATTAAc 480  
 AAATATCGTG CTAAACCGTA TCGTGCCAC ATTTACAGCT GTTGcAGTAA AAGCACCTGG 540  
 50 TTTTGGTGAT CGTAGAAAAG CGATGCTTGA AGATTAGCT ATTTTAACTG GTGCGCAAGT 600  
 GATTACTGAT GATTTAGGCT TAGATTTAAA AGATGCATCA ATTGATATGT TAGGTACTGC 660

CAGCATTGAT GCACGTGTTA GCCAATTGAA ATCTCAAATT GAAGAACTG AATCTGACTT 780  
 TGATCGTGAA AAATTACAAG AGCGCTTAGC TAAATTAGCA GGTGGTGTG CAGTTATCAA 840  
 5 AgTAgGTGCA GCAAGTGAAA CAGAGCTTAA AGAACGTAAA TTACGTATTG AAGATGCATT 900  
 AAATTCTACA CGTGCAGCAG TTGAAGAAGG TATTGTTGCA GGTGGTGGTA CTGCATTAGT 960  
 10 AAATGTTTAC CAAAAGTAA GTGAAATTGA AGCTGAAGGT GACATTGAAA CAGGTGT 1017

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 267:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1409 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 267:

TTAATCCAGC GTTAACTGTA TTTGCATTTA TTATGATTAT TTCGATTCTT TTAGCGTATG 60  
 TATTTAAATG GCTTGGATTA GTGGATGATG TGTTATTAAT GGTCAATTATC ATTTCAACTA 120  
 25 TTTCTTAGG CGTAGTTGTT CCAACTTTAA AAGAAATGAA TATTATGAGA ACAACTATAG 180  
 GGCAATTTAT CCTATTAGTA GCAGTACTTG CGGACTTAGT AACTATGATT TTATTAACGG 240  
 TCTATGGCGC AATCAATGGT CAAGGCGGCA GTACAATATG GTTAATAGGT ATATTAGTTG 300  
 30 TTTTCACAGC AATTTTCATAT ATTTTAGGTG TTCAATTTAA AAGAATGTCA TTTTACAAA 360  
 AATTGATGGA TGTACGACG CAAATCGGTA TTCGTGCGGT ATTTGCATTA ATAATATTAT 420  
 TAGTAGCCCT AGCAGAGGGA GTTGGCGCAG AAAATATATT AGGTGCATTC TTAGCAGGTG 480  
 35 TCGTTGTTTC ATTATTAAAT CCAGATGAAG AAATGGTTGA AAAGTTAGAC TCATTGGTT 540  
 ATGGGTTCTT TATTCCTATT TTCTTTATAA TGGnTGGTGT AGATTTAAAC ATACCTTCAT 600  
 40 TAATTAAAGA ACCGAAATTA CTAATTATCA TACCGATTTT AATCGTnGCA TTTATCATTT 660  
 CAAAATTAAT TCCAGTCATG TTTATTGAC GTTGGTTTGA TATGAAAACA ACGATTGCAT 720  
 CAGCATTTTT ATTAACATCA ACATTATCGC TCGTGATAGC TGCAGCCAAA ATTCAGAAA 780  
 45 GATTAAATGC TATTTACGCT GAAACGTCAG GTATATTAAT TTTAAGCGCA GTCATTACAT 840  
 GTGTATTCGT TCCGATTATT TTCAAAAAC TGTTTCCAGT TCCAGATGAG TTAAACCGTA 900  
 AAATTGAAGT TAGTTTAATT GGTAAAAATC AATTAACGAT TCCTATAGCG CAAAATTTAA 960  
 50 CATCTCAGTT ATATGACGTG ACATTATATT ATCGCAAAGA CTTGAGTGAT CGTCGTCAAT 1020  
 TGTCAGATGA TATCACGATG ATAGAAATTG CTGATTATGA ACAAGATGTT TTAGAACCAC 1080

AAGTTGCTAA ATTAGCCAAA GCACATCAAG TTGAGCGTGT CATTTCGAGA CTGAAAGCA 1200  
 CAACGGACGA TACAGAGTTA GTTGATTGAG GTATTGAAAT TTTCAGTAGC TACTTAAGTA 1260  
 5 ATAAAATCTT ATTTAAAGGT TTAATTGAAA CACCTAACAT GTTGAATTTA TTAAGTAATG 1320  
 TTGAAACGTC ACTATATGAA ATTCAAATGT TAAATTATAA ATATGAAAAT ATTCAATTAC 1380  
 GTAATTTCCC ATTCGGAGGA GACATCATC 1409

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 268:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4702 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 268:

AAAGAGGGTT TTTTACTACT ATAATCCATC CTTTAATGGA ATTCCATTG TCCCTTTGGC 60  
 CCGTTCATAA CCATAGGAAA ATATATGCnG nAATCATTGA TAGTAAATAC ATCAATAATA 120  
 25 CGAATAATGT CGGTGAAATC ACGTCCGTAT TACCATTATT AGCTAAAACA TTTTCCAAGT 180  
 TTTCTTTTGA ACCGGATACT CATAAATGCT TTTAATGCnT GGTTTTGTCT GTCGCCATCT 240  
 TTAGAATTTG TAATACTTTT TTAAATTCTT TAGCGAACAA CTCATTATCT TTATCGTTTT 300  
 30 TAGCCATTG ACGATTCAA TCGTTAGCTC TTACGCCTAA TGCTCGACCT GTCGCATGTA 360  
 GCTTATTCAC ATTATTGTCG ACTTGATTTA ATTGGCCACT AACAGAATCT GCAATTGATT 420  
 TTGATTCTTG TGTATCTGAT AGCAATTGCG TACTCTTTTC AGAAATTCTA CTAATTCTT 480  
 35 TATCTAAATT TGAAGACATC GTATTAAATT CATCATTTTT GCCTTTATCA ATTTTTGGTT 540  
 CTTGTGGCTC TTCAGCAAAA GTCTTTTTAA CGTTTTCTAA CTGATCAATC AGCTTGGAAA 600  
 TATCTTCTTk ATTTTTTGTT gTATTCTTTT TGTATTTTAA AATGTCATCA ATCAGTTTGT 660  
 40 CTGAGTTTTT TTCCATTGAA TCAATTTGaT GTAACACAGC TACTTTATCG TCTTTGAAAC 720  
 TTTCCATGTC ATTGATAACT TGGTCAACCA TCATATCAAT TAAACGTTTG TTGTCGAATG 780  
 45 GTTTATCTTC tCTGCCTTTT GTATCTGTGT ACATTTTATA ATGCGCATCA AACCTAGATA 840  
 ATGCACTCAA TTGCTGGCTT AATGCATCTT TCGATAAGCG ACCATCaAGG TTATGATTCA 900  
 ATGTTACATC CACAACACTC GTTGCTTTCT TATCATTGG TTCATCTTGA CGATTGCTT 960  
 50 GTCCAAATAA CAATTGTAAA TGCATTGTTT TATCTTTTAA GAAATCTTTC TCAGCATCCT 1020  
 TTTTCAATTT AGCAACGCCA TTGACTTCAA CTTTATATTC CTTGTTAGAT GTATCGAGTT 1080

	TAAAATGAGG	AtCTGTTGCA	ACAGTTAATT	GATTAATATC	ATTACTTTTA	ATCGTTTCAG	1200
	TACGTTGCAC	TTTGACACCA	TCATTAATCA	AAC TACTTGT	GTCTTGC GCA	ACTTG GTTAT	1260
5	CGTAATCTGT	TAAATTAATG	TGTTCTGCTA	ACGGTTTTTT	CAAATTATAT	TCATTTTTAT	1320
	AACGTTTTGC	TTCTTTGACA	ATTGCTTCGT	ATTTATTAGC	TT CATCCTCA	TTTAAACCTG	1380
	CAGCTATAAA	GTCTTGTTTA	GACATGTTAT	AGATAAATGT	TGTATCTGTA	TCAGGTTCTT	1440
10	TGACAATATC	ATCATGAAGT	TGTTTCTCTA	AGTTTTCAGC	GAATTGAGCA	TTGTT CATTT	1500
	TAATGCTATT	TAGCGCATCT	TGTAAGTCTT	TGTTATTTGC	AAGCTCATCT	TGCAGTGATT	1560
	CTGTTAATTG	CTTACGATAN	TCTTCAATCA	TACCTTTTGA	AAATGGTGAC	TCTTGTGATT	1620
15	GAATGATTTT	TCCTTAATTTA	TCTAAGTTTT	CTTTAACAGT	TTGTTTATAT	TCCTCTTTAC	1680
	CTGTATCTTG	CATACTTGAT	TGTTGATCAA	TTTGGCTGTC	CATCTGTTTT	AATGCATTGA	1740
20	TATAGTTATC	AAGTCCACG	CTATCTTTTT	GCGATTTATA	ATCTTGTAAC	ATTTTATCCA	1800
	TCGCTGTATT	GTGCTCGTCA	AATAATGAAT	TTTGTTTTTC	AATTAAAGTC	GAAACATTAT	1860
	AATCTGTGTT	CACTCTGAAC	GTATCTGAAT	TCGCACTCAA	TAATGATTTA	TTGTATGTTT	1920
25	GGAACCATTT	TGTAATGTCT	TTGTTTGCAG	AAATTGAATT	TACAAGCGTA	TCTGTAAATA	1980
	ATTCCGGGAA	GTCTTAATTT	GGATTTAATA	AGTAATTCGA	GAATTTACTA	TT CACACCAT	2040
	GTT CACGCGT	CATAATAGCG	CCAACATTTT	TTTGTGCATT	ATGTAAATTA	TCAATGATGC	2100
30	TTGT TAAATA	AATTTGACT	AAGTTTTTGT	TAAAGTCGTT	AAGTACATTA	CTTACAACCTT	2160
	TTTCTGTGTT	TTTAGCTACT	TCTTCTTTTT	GTCCTACAGC	TGTTTTATAC	TGTAGCGATA	2220
	TTTTTCGATGG	TGTTTTAGCG	TCTAATTGCA	TTGCCAATTT	TGAAAAGTTT	TCTGGGATAA	2280
35	CAATCATGAC	TTGGTATCCA	CCATTTTTCA	AACCAGACTC	AGCAACGTTT	CTTGTTACTG	2340
	TTTCAAATTT	ATAGTTTTTC	TCATTTGCTA	ACCTTTTAAT	AAATGCTTGA	CCCAGCTCAA	2400
40	CTTTTTTACC	GTTATATGTC	GTTGGTTGAT	CCTCGTTAAC	AATTGCGATA	TGTATTTTAT	2460
	TATTTTTTATT	ACTTACACTT	TGGGATCCTT	TTTCTGATTG	ATCTCCATAT	TTGTTTGA	2520
	CAAAAAATAT	CATACTAACT	ATGGCAATTA	TAATAATTAA	AGTGACAATT	AATGCATAAA	2580
45	TCCAATTTTT	CTTTTTCATG	CTTATTTCTT	TT CAGTTGTT	TTCTTAAAAA	AATGATAAGC	2640
	AAAGCCACAT	TAGAAAATGT	GACTTTGCCA	ATTT CAGAAT	GCTTATTGCA	AACCGAAATT	2700
	ATTAGAAAGT	TGTTGGTCTT	GTTCTTGAAC	GGCATCAGCA	GTGCTATTCA	ATTGTTGTTT	2760
50	AATTTCTTCT	AATAATTGTG	CAAATTTTTT	TACTTTAGGA	CTAAGTTGTT	GGAATTGCTC	2820
	TT CGAAACGG	CTGAAAGCTT	GACCTTCCCA	GTT CGCTGCA	ATTT CACCTC	GTGCACGKGT	2880

55

	TCTGATTTC	TCTGGACTCA	TCTTAATCAT	TGCCATAACT	AGAAACCTCC	TGAATATTTT	3000
	AAGTTTATCa	AAACTTTTTTA	GGGACACTAT	TTTTTGAAAA	AGTGCTCCTT	ACTCAAATAA	3060
5	TATATAAATT	ATTAGTATAT	GSTATATAGT	TTTTAAGTAT	TTTTAGCTTT	TTTAAAATAA	3120
	ATATATTGAA	TATAACCATA	TATTTTTAAT	TAACCATTCA	TTTTTGTAAT	ATAAATGTGT	3180
	ATACTAAAAT	TAAATTAAAT	ACATAAAGGA	TAAATGGTT	ATTATGAAGA	AAACAATTTT	3240
10	ACTGACGATG	ACAACTCTTA	CTTTATTTAG	TATGTCGCCT	AACTCGGCTC	AAGCATATAC	3300
	GAATGATAGC	AAAACATTAG	AAGAAGCAAA	GAAAGCACAC	CCAAACGCAC	AGTTCAAAGT	3360
15	GAATAAAGAC	ACCGGCGCGT	ATACTTATAC	ATATGACAAA	AACAACACGC	CAAACAACAA	3420
	TCATCAAAAC	CAGTCACGTA	CAAACGACAA	TCATCAACAC	GCAAATCAAC	GTGATCTTAA	3480
	CAACAATCAG	TACCATTCTT	CATTAAGTGG	TCAGTATACG	CACATTAATG	ACGCAATTGA	3540
20	TTCACACACA	CCGCCTCAAA	CGTCACCAAG	CAATCCTTTG	ACACCAGCAA	TACCGAATGT	3600
	CGAAGACAAT	GACGATGAAT	TAAATAACGC	TTTTTCAAAA	GATAACAAAG	GGCTTATTAC	3660
	AGGCATCGAT	TTAGACGAAT	TGTATGACGA	ATTACAAATC	GCCGAATTTA	ATGACAAAGC	3720
25	AAAGACCGCT	GACGGTAAAC	CTTTAGCATT	AGGTAACGGT	AAAATCATTG	ATCAGCCTCT	3780
	TATCACAAGT	AAGAACAAC	TATATACTGC	TGGACAATGT	ACATGGTATG	TCTTTGATAA	3840
	ACGTGCCAAA	GATGGACACA	CGATTAGTAC	ATTTTGGGGA	GATGCTAAAA	ACTGGGCAGG	3900
30	CCAAGCTTCA	AGCAATGGCT	TCAAAGTAGA	TAGACACCCA	ACACGAGGAT	CAATTTTACA	3960
	AACAGTAAAT	GGTCCATTTG	GTCATGTAGC	CTACGTTGrA	AAAGTTAATA	TTGATGGAAG	4020
	TATTCTAATT	TCAGAAATGA	ACTGGATTGG	TGAATATATC	GTTTCATCAA	GAACCATCTC	4080
35	TGCTTCAGAA	GTTTCATCAT	ATAATTACAT	CCATTAAATT	AATCATGACA	TCAATAAAAA	4140
	GCGAECAGTT	CGCAGTTTAC	AATTCGTAAC	ACTGCAAAAT	TGGTCGCTTT	ATTTTGTATG	4200
40	TTATTTCGATT	ATAAAATTAC	AAAGAAATGT	TCTCTACATT	CCCCATTAAT	CAAAATCGTT	4260
	TACGAAAGTA	TAATTGTAGC	TATAATAATC	CAAGTCGTAA	CAACTAGTGG	CACTATCGTC	4320
	TTGAATAAGA	ATATACCGTA	TTTTTCTTG	CGATATATAT	CCAGTACTAG	CCAAATTAAA	4380
45	ATGATTATAA	CACCAACAAA	AATAAATACA	GGATTTCATCG	ATATAGCATC	TGCCTGTAAC	4440
	TCAGGTTGCA	TTCTTAATTT	AGTGATAATT	AACATCACTA	CTGAAATAAT	GAAAAAGTAG	4500
	ATACCTCTTA	TCTTTGATGT	CTGTAAATCT	AATTCCTGCT	CTTCAATGAC	CTCTTTAGAT	4560
50	TCACCCAATT	CTTTTGCAAT	CAAATAATTT	ACTACCTTAG	GTTTCACCCA	TAAACACTTA	4620
	ATTGCAAAGT	ACATAAAAAT	ATATGATCCA	GTATCCATAA	ACATTAAAAA	GTTGCTTAAA	4680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 269:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2004 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 269:

5	ACAAAAAATT CACCCTCATT AATATTGAAA CTAATGTTAT CGACAGCAAC ATGTTTGCCA	60
15	TAACGCTTAG TTACATTTTT AAACCTAATC ACTTTGCCAC CTCTTTTTTT CTCATAGCAT	120
	AAAACCGAGA TTATATGTAT GTATTCCTTA TTTAACCACG TTTATTACAA TTTTCAAATT	180
	TAAATGATTT ATCCTTGAAC TTTTTTAATA AAATAATGAA TAAWAGGWAA TCWCCAGTTA	240
20	AGAAATAGTG TTATTTTACC TTGAATTCAA AAAAACACCC AGTAAACAA GGAATGCTTA	300
	CTAGGTGTCT TCACTATACT TTGGCTTTAT AATTTTGAAT CGTTCTATAA AATGCTGGAC	360
	AATAATGTTT TAATTTGTAA CTACCTACGC CATCATATCT TGTTCGAAG	420
25	CAGGCTTACG TTTAGCAAAT TCCTCCAACG TGTAATCAGA AAATATACTT ACAGGTGCTA	480
	TCGTAAATTT GTCACCTAAC TTTTACGAA CTTCTACCAA CTGACTGAAT AATACTCGGT	540
	CAACCCCTTC AACCGTATTT ATAAATACTT TTTAGTCGC TTTTGCTTA AATGGTGTG	600
30	TGAATACTTC TACTTCATTA CTGAGTAATT TTTAATTGA AGTATCACAC ATTAATATTT	660
	CGTCATTTTC ATTTAAGAAC CCTTTGAATC TTAATTCATC TATTAAGTGA CTTAATTCTG	720
35	ATGTTGTGTA ACCTTTCATT AAACCATGGG TTGAAATTTG GTCATAACCT TTATACTTAA	780
	TATAATCTGk TGACTCTCCT CTTAACACTT GAATGATAAC ACTATAACTC TCTTGTGTT	840
	TCATACGAGC GATGCAACTA ATAATCATCT TAGCTTCTTG TGTCATATTA TATGATTTAT	900
40	CTTGTGTAAC ACAATTACTA CATTGTTTAC ATTCTTCTAA TTTTTCATTG GGTTCAAAAT	960
	AATGGACAAT TGTGCTTCT AGACATTTTT TTGTTTTTGT ATATTGAATC ATTTTAGTTA	1020
	ACTTTTCGCC CATTTTATCT TTATAGTCAT CATCAGCTTG AGAGACTGTT ATAAAATACT	1080
45	CGTGTAATTT GATATCGCGT TCGCTAAATA ACAAATACA TTCACTTTTC AACCCGTCAC	1140
	GACCTGCACG ACCCGCTTCT TGATAATAAG ATTCTAAATC TCCAGGCATA TTATAATGAA	1200
	TAACAAAGCG TACATTGGAT TTATCAATAC CCATACCAA AGCATTGTGA GCAACGACTA	1260
50	CTTTAACACG ATCAAATAAG AAATCATTCT GCGCTTCTTC TCTTTCTTTA TTGCTCAAAC	1320
	CTGCATGATA TATAACACTT TCAATTTTCT GACTTTCTAA GGCTTCTTGA AGCTCTTCAA	1380

CCAATATAAA TTTTGGACGT TGATAAGTAG GATTTACTTT AAAAATTAAG TTTCTACGCT 1500  
 TAGTACTCGT TTTAATTTGA TCAGTTTGAG CGATATTTAA CTTTCTCTA ATATCTTGCT 1560  
 5 GTACTTCAAC CGTGGCAGTT GCTGTCAACG CTATTATTGT AAAATCTTGA GGTAACGTAA 1620  
 ATACTTTTGA AATAACATTT TGGTAACGCG GCCTGAAATC ATGACCCCAT TTAGAAATAC 1680  
 AATGCGCTTC ATCAAACGCG ACTAAGTGAA TCTTTATACG CTGAAGCATA TTTAAAAAAT 1740  
 10 ATCGGTTTTTC AAATCGTTCT GGTGCAACAT ACAAAAATTG AATTTCTCCA TTTGATAATG 1800  
 CTTTTTCAAT ACGTTGTTGC TCTTTTGGAG TCAAACTACT ATTAAAAAA GCAGCTTGAA 1860  
 TTCCCATCGC TTTTAATTGA TCCACTTGAT CTTTCATTAA TGATATTAGT GGACTTTATTA 1920  
 15 CAATTGTTGT ACCACCTAAC mATAAACCTG GTACTTGTA GcmTATAGAC yTACCTCCAC 1980  
 CAGTtGGKAA GrCACCAAGC ACAT 2004

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 270:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2244 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 270:

30 AAAGATTGCT TGCCTTGAGG GTTTATATAT CTGACTCAAT TGCCACATTT TTATCAAGAG 60  
 TAGTTGATAA TACTCATCAT AATTATAGCT AATATTATAT TTTTAAAAA GATAGTGTAT 120  
 GATTTTCTGG TGTTTGTTGT ATACGTCATT AAATTTCAAG TAGTCATTCT CCAAGTTATA 180  
 35 CGTATAACAA ATATTTCCGG ATAAAGTTAG AATAAAATAT TTAGAAAAAT CATTCAATTG 240  
 CGTAATCGCT AAATTAAGTG TTAAATATAA GACATAAGTA ATTAATTTAA TGTGATATGA 300  
 TGTATTATTA CTTTGCTAAA TAGTAGATAG AACAAAATTT GTAATCGGGA GGTAACAATG 360  
 40 GATTACGCAC ATTTAAATTT AGAACATTTT TTTGCACGAA ACGACGATTT AGATGTTATA 420  
 AGAGATCGCG CTGATTTCTG GATGATAAAT AACTTCACTA ATGAAATGAT GTATCGTGAT 480  
 45 GGTCAAATTG AAGGCACGAT TGATTTAAAT CAGTACTATT ATAAAAATAG ATCAAATGCA 540  
 GCAAGTTTAA TTATGATGGA TTATAAAAAA GAACTAAGT AAACGAACAA AAGAATTTTT 600  
 TGTTTTTTAA TACGTGAATA ATAAGATTAT TGATATAAAG GTTTTCAAAG GTTATACAAA 660  
 50 AAGATAAAAC ATTTATGATT CGTAGATCAA CGTAAAGTAA TGTTGATAAA TGGTTTAAAA 720  
 CGTTTCATTT ACATTACTGT TTATTTATGA ATATGTAAAC ATGCATAGAT AAAATTGTTA 780



ACCTAAGAGG TGTGGATATG AATAAACACA AGAAAGGTTT TATTTTTTGA ATAATAGGAC 900  
 TTGTTGTCAT ATTTGCTGTT GTCyCaTTTT TATTTTTTCTC AATGATATCC GATCAGATAT 960  
 5 TTTTCAAACA TGTAAATCC GACATTAAGA TTGAAAAGTT AAATGTTACA TTAAACGATG 1020  
 CAGCAAAGAA ACAATAAAT AATTATACGA GTCAACAGGT ATCAAATAAA AAGAATGATG 1080  
 CATGGAGAGA TGCATCTGCA ACTGAAATTA AAAGTGCAAT GGATAGCGGT ACTTTTATCG 1140  
 10 ATAATGAAAA GCAAAAATAT CAATTTTTAG ATTTATCAAA GTATCAAGGG ATTGATAAAA 1200  
 ATAGAATTAA ACGTATGTTA GTAGATAGAC CAACGTTATT GAAACATACG GATGATTTCT 1260  
 TAAAAGCTGC TAAAGATAAG CACGTTAACG AAGTTTATTT AATTTACAT GCATTATTAG 1320  
 15 AAAGTGGCGC AGTTAAAAGT GAATTAGCTA ATGGAGTCGA AATTGATGGC AAAAAGTACT 1380  
 ACAATTTCTA TGGAGTAGGA GCCCTTGATA AAGACCCAAT TAAACAGGT GCAGAATATG 1440  
 20 CTAAAAGCA TGGTTGGGAT ACACCTGAAA AAGCTATTTT AGGCGGTGCT GATTTTCATTC 1500  
 ATAAGCACTT CTTATCAAGC ACAGATCAAA ATACATTGTA TAGTATGAGA TGGAAATCCAA 1560  
 AAAATCCAGG AGAACATCAA TATGCTACAG ATATTAAGTG GGCAGAAAGT AATGCAACAA 1620  
 25 TTATCGCTGA CTTTTATAAG AACATGAAGA CTGAAGGAAA ATACTTCAAA TACTTTGTGT 1680  
 ATAAAGATGA CAGTAAACAT TTGAATAAGT AATTTGATAA GCTACGAGTT GTTTTTATGA 1740  
 CTCGGACATA CTAAAAGAC GCTTTCTATC TTGTTTTGAT AGAAAGCGTC TTTTTCATT 1800  
 30 AGAGAAAACA CATTGATkGA TAATCCCaCC aATGCAAgTG GGGcAGGACa TCGATAAAGA 1860  
 ATTACTTTTT CTTTAGAAAT TAGTATTTCT TATGCATGAG TTTTACTCAT GTATTCCTAT 1920  
 TTTTAAGTAC ACATTAGTTA TAGCTAATGA TAAAGAACCA CTACATAATA AATCATTAGT 1980  
 35 GTTTTTTAT CATTCTGTC CCaCTCTCAT CGTGATTGTA AATTTTCAAT TGCGATTTTA 2040  
 ATTTTCATCTC TTACACGTTG GAACCTCTGAC CAAGGCTTGC CTGCAGGATC ATCAAATCCC 2100  
 40 CAATGTTCTT TCTTAACATT TGTTGGTAAA GAAGGGCAAT TTACGTCTGC ATCACTACAT 2160  
 AATGTAACAA CTAAATTGA ATTTnTAATA ATATTATTAT CGGATTAAAA TCTGATGGAT 2220  
 GATTTGATAT ATCAATGCCT ACTT 2244

45 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 271:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1371 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 50 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

55

ATAAGCAATT TAATTTTGAG TCTACAATGG AGGAATTATC ATCTTTATCA GAGACTTGCC 60  
 AACTTGAAGT GTTGGGTCAA ATTACTCAA ACAGAGATCG TGTAGATCGC AAATATTATG 120  
 5 TTGGTAAAGG TAAAATTGAA GAAATTCAAG CATTATTGA GTTCAAAGAT ATTGATGTAG 180  
 TCATCACAAA TGATGAATTA ACGACTGCAC AATCCAAATC ACTAAATGAA GCTTTAGGTG 240  
 TAAAAATTAT TGATAGAACT CAGTTGATTC TTGAAATATT TGCATTAAGA GCAAGAAGTA 300  
 10 AAGAAGGTAA ATTGCAAGTA GAGCTAGCAC AACTTGATTA TTTATTACCT AGATTGCAAG 360  
 GCCATGGTAA AAGCCTTTCT CGTTTAGGTG GCGGTATTGG AACTAGAGGC CCTGGTGAAA 420  
 CGAAGTTAGA GATGGATCGC AGACATATTC GAACCTCGTAT GAATGAAATT AAACATCAAT 480  
 15 TGCGGACGGT AGAAGAACAT CGCGAAAGAT ATCGAAATAA AAGAAATCAA AATCAGGTGT 540  
 TTCAAGTAGC TTTAGTTGGT TATACAAATG CTGGTAAATC ATCATGGTTT AATGTTTTAG 600  
 20 CAAATGAAGA GACGTATGAA AAAGATCAAT TATTTGCAAC GTTAGATCCT AAAACACGAC 660  
 AAATTCAAAT AAATGATGGA TTTAATTTAA TTATTTTACA TACTGTTGGT TTTATACAGA 720  
 AACTACCTAC GACGTTAATT GCAGCTTTTA AATCAACTTT AGAAGAGGCT AAAGGTGCAG 780  
 25 ATTTATTAGT ACATGTCGTA GATAGTAGCC ATCCTGAATA CCGTACGCAG TATGACACAG 840  
 TTAATGATTT AATCAAACAA TTAGATATGA GTCATATTTT TCAAATAGTT ATTTTTAATA 900  
 AAAAGGACTT ATGTGATCAT GCATCAAATC GTCCAGCAAG TGATTTGCCT AATGTTTTTG 960  
 30 TTTCTTCTAA AAATGATGGT GATAAATTAC TTGTTAAGAC GTTATTTATT GATGAAATCA 1020  
 AAAGGCAATT AACTTATTAT GATGAGACAA TTGCGACGAA TAATGCAGAT CGATTATATT 1080  
 TTCTAAAACA ACATACATTA GTGACTGAAC TTAAATATGA TGAAATTGAA AATGTTTATC 1140  
 35 GTATAAAAGG ATTTAAAAAA TAATAAAAGG ACGAAATTCA AATGAAAGAT ATAAGTAAGA 1200  
 TAGTAGCTGA CGTCGAATCA ACGTTAGCAC CATATTTTAA AGAAATTGAA GAAACAGCAT 1260  
 40 ATATTAATCA AGAAAAAGTA TTAAATGCAT TTCATCATGT CAAAGCAACC GAAAGTGATC 1320  
 TACAAGGATC AACAGGATAC GGGTATGATG ACTTTGGACG TGATCATTTA G 1371

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 272:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6035 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 272:

	CGTAAAcCTA	TGCGTTTTAA	TATTCTGAAG	TTACTTAGTT	CATCCTCAGT	TTCATCCATT	120
	TGTTTTAATAT	AAATAATACA	TCCAGCTGCT	ACTAAAAATG	CTAATCCTAA	AAATGATGTA	180
5	ACAAATATTA	GAATACCGTT	AGTAGCATcG	ACCTCTTTTT	TCATTTTCATC	ATACGTGATG	240
	ACTTTGTCTC	CAAACGTGTT	TGCAATTGCT	TGAGCTTTTT	CCTTTTGTGA	TGTTTGTTTA	300
	ATATCATATC	CATAAAAAGT	ATGAACGTTA	TTTTGTGTTT	TCAACTGCTG	ATACTTTTCA	360
10	GGACTTACTT	CGATGACAGG	TGAGTTGAAG	CTTAGATTTA	AAGGATAAAC	CTTACCTTTG	420
	TCTTCTTG TG	TACACGGAAA	GTTTCATTCT	TAGTACCTTT	TACTACTAAA	TCTTTGTTTA	480
	AATGGATATT	AATAATGTTA	GGCAGCGATT	TTGTATTTGT	AATGATGGCA	TTGTTGCCTG	540
15	TtAACTTGTT	ATTTGCACCT	AAAATAGAAT	TCGTGCGACC	TGAATCACTA	CCATTTTCCA	600
	AAGTAATAAC	CTGATCATTa	ACATTATCTA	CAGTAATAGT	TTCGTAAGCA	TTTTTAGAAA	660
20	ATGTAATTTG	TTGTTGGCCT	AGTTTAGTTT	CAAATTGTTT	AGCATCTTGA	GTAGCGACCA	720
	CGTTAAATTC	ATTTGGTGCC	ATAGATGTAA	GGGTTTGATC	TGTATTTGAT	TTAGATAATG	780
	CCGCAAAACA	CAATACAGTT	ACTGTAAC TG	CAGAAATAAT	TGCAATGATA	GTTAAAGACA	840
25	TGGCATTTTT	CTTCATTCTG	TACATAATAG	ACGATGTGAA	TACAACATCG	GTAATAGATA	900
	CGCGTCCATT	TTTTGATTTT	TTCAATGTTT	TAAAAATAAG	TGACACGGAA	CTTCTGAAGA	960
	ATAAATAGGC	GCCTACAACC	GTTAAAAATA	AAATGATAAA	CGGTGATGTC	ATAGCCATAG	1020
30	TTAGTGCTTT	GAACGTACCA	AACATTTCTG	TCGCCATATA	ATAGCCTAGT	GCAATCATAG	1080
	CAATACCTAA	TACGCCTGAA	ATAACCTCTG	CAGTCGTTAC	TTTAGCAGTT	GTGGCATCAG	1140
	TTTTAATTGA	ATCTTTTCATC	ATTGATAAGA	TACTACGTCT	TTTTAGAAAT	AAAGCACTTT	1200
35	GAAATAAAAT	CAGTACATAC	GCAATAATTA	GCATGAAAAT	AGTTAAAACA	AGGGCCATAG	1260
	GTTcGAAATG	TATCGATAAG	TTAATCGATA	ACGACATCAA	TTTAGATACT	ATGGAAAGCA	1320
40	ATAaTTGTGC	ACCTGCAATG	CCACATAATA	CACCGACAAC	ACCTGTGATT	AAAAATACGA	1380
	TCATTtGTTc	AAGTGCTAAC	ATTTnCAAAA	TGTTTTGTcG	TGTTAAACCA	ATCaACTGAA	1440
	ATAGCGCAAA	TTACAGTGTA	CGGCGTTTTA	CGrmTAAATG	ATTGGCATAc	ATTAAAAAGA	1500
45	TGACAATAAT	GATAAATAAA	AATATTGATC	CGACTAAAGC	ACCTTTCTTA	ATGATGGCCA	1560
	TCGAGTCGTC	ATTATTTTACA	CCTTTAGTAA	ACTGTAAGGT	TGTAAAACTG	AAATATAAGA	1620
	CGATGCTAAA	AAATAATGAA	AATAAATACA	TTGCATAATG	TTTTAAGTTT	TGTCGTAAGT	1680
50	TTTTGAAAAC	GATATGGTTA	AATGTCATTT	GAGACACCAC	CTAATACTGA	TTGAAGATGT	1740
	ACAATGTCTT	CATAAAAGGC	CTGTTTAGAA	CGTCCTTCCT	GATAAAGTTG	TGTATGAATT	1800

55

	ACCATGACAA TAGTTGTATC AAACGATTTA TTCATTCTT CCAAACGTTG TAATAGGTCA	1920
	TTTGCACTTT TCGAGTCGAG TCGGCCTGTT GGCTCATCTG CAAATATGAT TTGTGGTTTG	1980
5	TGAACAAATG CTCTCGCTGC TGCAGTTCTT TGTGTGTGAC CACCAGATAA TTCGCTAGGG	2040
	TATTTATTTT CTAGGTCATA AATACCTAAT GCTGTCTGTA TCGCTTTATA ATTTTCTTCC	2100
	ATTGTTGCCT TCGACATTTT TTGAACAGAT AAAGGTAACA TAATGTTTTT TTTAACGGTT	2160
10	AATGTCGGCA GAATACTGTA ATCTTGGAAG ATGAAACCTA ATGATTCTTT GCGGAATTTG	2220
	GCAAGTGCTT TTTGATTAAAG TTTATTAAGC TCTTGTCCGT TAGCAATCCG CTACCGCTAG	2280
	AAATTTGGTC AATTGAACTT AGTACATTTA ATAAGGTTGT CTTACCTGAT CCAGAAGGCC	2340
15	CCATAATCGC AACGAATTCT CTTTTTGTGA TGTCAAAGTT AATATCTTTA AGTGCTTGAA	2400
	ATGTGTGCTT TTTACCGTAT GTTTTTGAAA CATGTGCACT GATAATATCG TCATAGTCTC	2460
20	ACTCCTTTTG TATTTAATTT CATTTTAAAT AATGTTTGGA GTAGTAGCCT TTATCTAAAC	2520
	TTACAATTCA ATGAATGAAC CTTACAGAGT TGAAACCTAT CGCTACTTAG TAGATTTTTG	2580
	AGTGAGGATA CAGATTCATC GTACATATTA GACAAAAGCA ATGGTGCTTT CTAAGTGATG	2640
25	ATGTTTGTGT AAATTGAGAA AAGGGAATTT AATTATTGTA TAATAAATTT TTTGTAAAAA	2700
	TTAAAAGAGG GTTTTATTTG AAAGGAATTG ATTGTTATGG AAAAAGGAAA TCAAGGTATT	2760
	AAATGGTCTA GTTTAATAAT GGGTGTATTA TTATTAATGT TGGCAGTCGT TATTTTTACA	2820
30	TTTCCAATTG AAAATTTTGA TGCTATTACC TGGTTGATTG GACTGTTTGT ATTAATTAAC	2880
	GGTGTGATTC AAATCGTTTA CCGTAGAAAA GCAAAAGCTT TAGTAGGTGG TAACCAAAT	2940
	TGGATTCTGT TTATGGGGAT TGTAGATATT CTATTTGGTC TATTAGTTAT TTTTAATGTT	3000
35	GGCGCAAGTT CAGCATTCTT TATTTATATG TTTGCTTTTT GGTTTATTTT TAGTCTATC	3060
	TCTGGATTAT TTACGTTTTT GGGTAGTGGT AGCTTAAAC TAATTTTCACT GATTTTTAAT	3120
	TTATTAGGTA TTGTTTTTCG TGTCATTTTA TTATTTAATC CATTAAATGGG TATCGTCTTT	3180
40	ATTTTCGACGA TGATTGCTAT TGCATTTGTA TTCGTAGGTG TCATTTATGT TGTAGATGCA	3240
	CTTGCTTAAG TAAAATGAAG CGGTTCAAAA GAAGGGTGTG ACATGAAGTT TGTGTCATAT	3300
	CCTTTTTGTT GTGTTTATGA AGCATAAAAA AGGGGCGCTA CCTACAATAA GTAAGATACG	3360
45	CCCATATTTT TATATTTTAC TATTATTGTT TTCAATACG ATTAATAGTT ACATTTAGTC	3420
	CAAAATATTT TTCTAAAAAA TGTTTATAGT TATCTTTAGT GACATCAAAT TTTCTGAGC	3480
50	TACCATTCTT TGTTAAAGTT AAATGATTTT CAGACATTGT AGCACGGCCA AATGATTGTG	3540
	GCATTGTAAT TAATAAATGC TGTACAAATA TTGAATCTGG ATGCGTTTGA TTATATTCCA	3600

	AATGATCATT	TTCGAATTTT	TGAACATAGA	AAATATCCTT	GTCTTCGTTG	TTAAAAATAG	3720
	CGCGGAATGT	ACCACTGATA	TCAGTAATTG	GTGTGTATG	CTCAGATGAA	GTAATAGGAA	3780
5	TGGCATGTAG	AGGTAAGTCT	CCAAAGCCAA	CATCAGTTAC	ATAGAATACA	TCATTTATAG	3840
	AAACAACAAG	TGAAGCATGT	GAACCGTTCA	GACTACGACC	GCCACCGGGw	GTGTGAATAG	3900
	TAGCTGACAT	TAATTCAGGA	TTAAATCCTT	TTTGTGTAA	ATAGGCTTTG	AAAAATGTAT	3960
10	TTAATTCATA	ACAAAAACCA	CCACGTTTAT	CATGAACAAT	TTTATTAAAA	AGTGCATCGA	4020
	TATTTATAGA	TATCGGCTTA	CTATTTTGAA	CATCAATATT	TTCAAAAGGT	ACAGTTAACA	4080
	TAAAACGTGT	TGCATAATAA	TTTAATGCTT	CAATACTCGG	TCGATTATAA	CGAGATGAAT	4140
15	CAATTTGTAA	ATAATTCTCT	AACTTCGCAA	TATTCATAAG	CATAGCGCCT	CCTGTATTAA	4200
	AGATTATAAT	TAAATTTTAA	ACAGAAATAC	TGAAATTTTA	AATTCGAAAG	CATTGAATTT	4260
20	TGGATAAATA	CATTTTAAAT	AGAAAAATAC	GCTCTCAAAA	TGAAGTCATC	TCTAAAAGAA	4320
	ACGATTTAAA	GATGACTACT	GAGAGCGTAG	CATAATGGAA	GAAGTGTGCA	GGTGTCTAA	4380
	AAATGCAACA	ATACAAAGGT	AGTTGCAAGA	CAAGTTGCCT	TATCTAGACC	ATTGTGTTC	4440
25	TATGCGACCA	AACTTCCAAA	TTAAACTTGA	AATAAGCCAA	GTAATTAAAA	ATAATGCAAC	4500
	TAAATATAG	CCTAAATAAT	CAAATTCGAT	CGAACCAATG	AATGCCCAAA	ACGCACCATG	4560
	TAAATCTAAC	TTATCAGCAA	GAATTTGTAG	CAATTCAATC	ATCCCAATCA	CTAATGCTGC	4620
30	CATGACTGAT	ATCGCAGTAA	TCGTTATATT	GTAATAGATT	TTGCGAATAG	GATTGAAGAA	4680
	TGCCCAATTA	TAGGCATACT	TCATTACAAC	ACCATCTAAT	GTATCCAATA	AACTCATACC	4740
	TGATGCGAAT	AAAATTGGTA	AAGATAAGAT	TCCGATAAAT	GAAATGGCTT	GTGTGTATGC	4800
35	GCCTGAAGAA	AGAGCGAGTA	ACGCAATTTT	ACTAGCTGTA	TCAAAACCAA	GTCCAAATAA	4860
	AAAGCCAAGT	GGCAATACGT	GCCAACTACG	CGTGATTAAT	TTGAAATAAG	GTCCTACAAA	4920
40	TCGAGAAACC	AATCCTCTAG	ATTCAAGTAA	TGCATCGACT	TCAGCTTCTT	CAATGTGTTC	4980
	ACGACGTAAT	TTAGCGAACA	AGTTAATTAA	AGAGATTAAA	ATAATTAGAT	TCAACACACC	5040
	GATAAGCACT	AAAAAGAAAC	CTGAAACTAG	TGTACCAATC	GTTCCACCAA	TATCTTGGAA	5100
45	ATGCGGTAAT	TCATCTTTAG	CCCATTTTAC	AGATACCCCT	AAAAAACAG	CCATTAAAAA	5160
	TACGACAGAT	GAATGTCCAA	TTGAAAAATA	GAAACCCACA	CCAGATGGAT	CTTTGCGTTG	5220
	CTGTAATAAT	TTGCGaACCG	TATTATCTAT	TGCAGCAATG	TGATCTGCAT	CAAATGCATG	5280
50	ACGCAAACCT	AATGTATATG	CAAGAATCCC	CaTACCAAAT	AAGATATGAT	GGTCTTTTCC	5340
	AGCAATCCAT	AAAAAACTAA	ACCCAATAAC	GTGTAACAAA	ATGACAATAG	CTATGTATGG	5400

55

ATATTTAATC ATACTGTATG TTCAATGGGC ACTCTAGTAA TAAGTGTTC TATAACAAAA 5520  
 ATGTTATGCC AAATTATTTG TTATATAAAA ATATACATGT AACCACAAAA GATTTTTTGC 5580  
 5 GATATATATA ATTTGATAAA TTAACCAACA ACAATGTAAG ATGTCACTTT GCTTAACTTG 5640  
 GCATCCTTTT TATGATTTTC AAATTCAAAA AAATGAGCAA AATGAATCTC TTTACAGTT 5700  
 TTTAATATTT CaATACCATG CATGGAACCT AAGCACCCAT GTGTGATGCT GGAATGGATA 5760  
 10 TTGAGACTAG CAACCTGATT GTAATGATTA GATAGTTCTT GAATTAATAT TTGAGGTCCG 5820  
 TATATGTCAA AGCGGCCAGG GACAGACCAA ATAAATTCTG TTGTAACCAG TGAACGTAAT 5880  
 AATTCAATAT CTAATGCTGC TGTAACAACT ATAAAATCTA TCATTTGTTG ACGTTTAGGC 5940  
 15 GCATGATTGC ATGACACATC TCCTGTTAAC TTAAAAGGTA ATGATGACTG AACTTCCGTT 6000  
 TTAAAATGTA GTTGGTGCTG AAATAAGCT TGTTCT 6035

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 273:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1039 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 273:

30 TTTTGAACAG CCATATTTAT TCACCTCAA CATCATTATA ATGGTATTAG TCGCATTACC 60  
 TTCACTTGTT TTAGCTATAT ATGATTATAT GAGTTTLAGA ATTTCTTCTG CTATTTTACA 120  
 ATTTCTAGGG GCTATCTCTT GGTTCCTTTT ATCATTGATA TTATCGCTCA CACAATTTAC 180  
 35 ACCTTTTACA TTAGCGTCAT TTATAACTTC AATTATTTTG TTCACAAGCA CAATTATCAC 240  
 ATTAGCCATT GGTGGTAAGT CTGTTGAAAA GAATGATTCC CCTTAAATTC CAAATGAAAA 300  
 AAAGGTTCTG AAGGCCGCTA TAAACACAG TTTTTCAGAA CCTCTATACT TCTATTCAAT 360  
 40 GATATATGGT TTGCAATTTT CTACCTTTAA ATCCACAGCT TCTGCCCTTG AAACTTTGTT 420  
 AAAATAAACC ATCAAACAAC GAATGACAAC TTGATGTGCA ACAATGACAA TATCATCTTT 480  
 45 TTGTGTATCT TCATTGACAA CATGATTCAT AAAATGTTCT ACGCGTTGAT ATACATCTTC 540  
 ATAACTTTCT CCTTCAGGCG CTTTTTGTGA AAAACTATGA CGAAAGTCTT TAAAGTTTGG 600  
 ATCATTGAAA TATTTTTCAT ATTTCCGATT CGCACTGATT TCATCTTTAT ATTACCCTC 660  
 50 AAATACGCCA AGTGAACGTT CTCTTAATAG AGGGGTAGTC GTTGATGCAA TGTCATATGG 720  
 AAAAAATATGT TCAAACGTTT GCTGTGTTCT TAATAAGTCT GAAACATATA CATGTTTAAT 780

	CGGCACATCT AATTGTCCAC AAAAATAAGA TCGAAAATGT TTATTATCAT AATTCGATTT	900
	TGATTGCGCA TGTCTAACTA AATAAATCGT CATAATATTA CTCCTTACCT TATGTATTTT	960
5	ATATCTACCA TAACACTTTG ACTACTAATT CGATATCAAT CTTAATATTC TATTCTAAAA	1020
	AAAGAATTAA TTCATATnT	1039

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 274:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1496 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 274:

20	GAGAGAATnT GCAATTAGTT ATTCAATTAG TTGATTTAAG ACATGATCCA ACACAAGATG	60
	ATATCTTAAT GTACAATTAT TTGAAACATT TTGATATTCC TACTTTAGTT ATATGCACTA	120
	ArGAaGACAA AATTCCaAAA GGTAAGGTyC AAAAGCATAT TAAAAATATT AAGACACAAT	180
25	TAGATATGGA CCCAGACGAT ACAATTGTAA GTTATTCATC AATTCAAAAT AATamaCAAC	240
	AACAAATATG GAATTTAATT GAACCGTATA TTTCATAGTT TTTGTACGTC AAAACTTATA	300
	CAAAAATTTT AAAAATAATG TAAGCACGAA ACTTTTAATT AGTACACAAT TGATAACATT	360
30	TTTCAACGTT CATCATTTTG TCAAAAACTC AAAAGTAAAT TAGAAAGATT ATAATTTATT	420
	TAAGCATCGT ACTTAATTGG ATTTTAAATT ATGTTATAAT ATTTGTATTG TTAGTATATA	480
	TGGGGGCTTT TCAAATGCAT TTTATTGCAA TTAGTATAAA TCATCGCACA GCTGATGTgC	540
35	ACTAAGAGAG CAAGTTACTT TTAGAGATGA TGCCTTACGA ATTGCCCATG AAGATTTATA	600
	TGAAACTAAA TCTAyTTTAG AAAATGgTCA TATTaTCAAC ATGTAATCGA ACTGAAGTAT	660
40	ATGCTGTTGT TGATCAAATT CACACAGGTC GTTACTATAT TCAACGATTT CTAGCTCGTG	720
	CATTTGGATT TGAAGTAGAT GATATTAAAG CAATGTCAGA AGTAAAAGTG GGGGACGAAG	780
	CaGTAGAACA TTTATTGCGT GTCACTTCTG GTTTAGATTC AATCGTACTT GGAGAAACTC	840
45	AAATTTTAGG TCAAATAAGA GATGCATTTT TCTTAGCGCA AAGCACAGGT ACGACAGGrA	900
	CAATTTTAA TCATCTATTT AAACAGGCAA TTACTTTTGC AAAAAGAGCA CATAATGAAA	960
	CAGATATAGC TGATAATGCT GTAAGTGTGT CTTATGCTGC GGTGAGTTG GCGAAAAAAG	1020
50	TATTTGGCAA ATTGAAAAGT AAGCAAGCTA TCATTATTGG TGCAGGGGAA ATGAGTGAAT	1080
	TATCACTATT AAATCTTCTT GGTCTGGAA TTACTIONAT TACAGTAGTA AATAGAACAA	1140

TACCAAATTT ACTTGAAAGT GCAGATATTG TGATTAGTTC AACGAGTGCA CAATCTTATA 1260  
 TCATTACAAA TGAAATGATA GAAAGAATTG CAGAAAATAG AAAGCAAGAT TCACTAGTAT 1320  
 5 TGATTGATAT TGCAGTTCCT CGAGATATTG AACCTGGTAT TAGTGCCATC ACAAACATCT 1380  
 TTAATTATGA TGTGATGAC TTAAGGTT TAGTTGATGC AAATTACGT GAGCGACAAT 1440  
 TAGCGGCTGC AACAAATTCG GAACAAATTC CTACAGAAAT ACATGCACAC AATGAG 1496

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 275:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4826 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 275:

CTTGATTTTT TCCCTTTAGT ATTTTCCaTt TGanTGTCGC AGCTTCTAAA TCCTGCTTTG 60  
 GTTCTCTAGT GAACTTCATA ATTAAAGCAG CTACAACGAA TGATACAAGT GCAGCAAGGA 120  
 25 AGACACCGAG TAACATGTGC AAGAATTCAC CTCTAGGTGC ATTTAAACAG TAAACTATAA 180  
 ATGAACCTGG TGACGCGGGA CTTTAAATC CAAATCCTGT TGCTTGATAA GTTGCAACAC 240  
 CAGTCATTCC ACCTAAAATA ACAGCGATAA ATAATAAAGG ACGCATTAT ACATATGGGA 300  
 30 AATAAATTTT ATGAATACCA CTAAGAAGT GGATAATTCC AGCACCATAT GACGTTGCTT 360  
 TTGCAGTGCC TTTTCCAAAA ATCATATAAG CAAGTAAGAT ACCTAAACCT GGTCCAGGGT 420  
 TAGATTCAAT TGTGTATAAA ATTGATTGAC CAGCTTTTGC AGCTTGATCT GCACCAAGCG 480  
 35 GTGTGAATAC ACCATGGTTA ATCGCATTGT TTAAAAATAC AATTTTGTGA GGCTCTACTA 540  
 AAATACTTAC AAGTGAAGT AGGTGTGCAT GTACTAATGC TTCAACTGCC ACTGATAAAA 600  
 TATGCATAAT AAATTTTATA AGTGGTGCTA AAATTTTAAA TCCTGCAATC GTCATGATAA 660  
 40 ATCCTAAAAT ACCAGCAGAA AAGTTATTAA ATAACATTC AAAACCTTGC GGC GTTCTAG 720  
 GTTGAATCAA TTGGTCGGTC TTCTTCATTA ACCAACCAAC AAGTGGACCC ATAATCATTG 780  
 45 CACCAAGTAA CATTGGTGTA TCAGGTAATG CAACGATGAC CCCCATAGTT GCTGTTGCTG 840  
 CGATGATACC ACCACGTAAA TCATAAATTA AACGACCACC ACTAAATGCG ATCAATAATG 900  
 GGATTAAATA AGTAATCATT GGTCTGTGCTA AAGTAGCTAA ATCTTTGTTA GGTAACCATC 960  
 50 CATTATCTAT AAAAATGGCC GCGATAAAAC CCCAAGCGAT GAAAGCGCCA ATGTTTGGCA 1020  
 TGATCATACT ACTTAAGAAT GATCCAAATG CTTGAACAG ACGACCAATT CCTTTTTTCT 1080

55



## EP 0 786 519 A2

GAGAGGTTAC TTGTTACTCA ATATAAACAA AAATCAACTT TGTCAAAATA AATGTGACAA 1200  
 AATTAAATAA AGTGTGACATCA ATGTGACAGT ATAGATATTT TGAAAAAGTA AAACAAAAAA 1260  
 5 ATTGTTTTAG GATTTTAAA ATTTTATTGT GAAAATATTT GCAAAACAAA ACAACACCGT 1320  
 GTACAATAAT GATTAATGGA AAGGGGGAAA GTTCGGCAGT ACAGTTAAAG CGCCTGTGCA 1380  
 AATAAATATT TGTATTGAA GATTAAAGGT TAATATATGA GTGGCCTTTA TAGAGTGCAA 1440  
 10 TATATGTATT TGTAGACGAG GAGGATAGTG ATCGAATAGA TCGGCGGATG CTATCCCGGA 1500  
 TGTGGCTCAT TCGTTAGCTT ATTAAGTAAA ACATTAGGCT GACTTAATGG ACAAAGTTAA 1560  
 TAAGATCGCC AGAAATGAA TATAAAAAAT ATTAATATGG AAAGTACAGT GTGAGCAATT 1620  
 15 TGTATAGTTG TAAAAATAAC TATGCTTAAT TTGTTATGGA TGAATGCGAT GATAGCATGT 1680  
 TCCTATTTAT ATTATGAAAG CAGATTGTCA ATCTAAATTA TCGGCAATAA ATCATAATTT 1740  
 20 ACGCGTACTA TTCCAATATG GAGGAAAATG TCGTTATGTG TGAATGTGT GGTATATTG 1800  
 GCTATGATTA TGCCAAAGAA TTATTATTAA AAGGTTTAGA AAAATTAGAA TACAGAGGTT 1860  
 ATGACTCTGC AGGTATCGCA GTAGTAAATG ATGATAATAC AACTGTATTT AAAGAAAAAG 1920  
 25 GTCGTATTGC AGAATTACGT AAAGTTGCTG ATAGTAGCGA TTTTGATGGA CCTGTTGGAA 1980  
 TCGGTCACAC ACGTTGGGCA ACACACGGTG TACCGAATCA TGAAAACCTCT CATCCACATC 2040  
 AATCATCAAA TGGCCGTTTT ACTCTAGTTC ATAACGGTGT TATTGAAAAC TATGAAGAGT 2100  
 30 TAAAAGGTGA ATACTTACAA GGTGTATCAT TCATTTTACA AACAGATACA GAAGTTATCG 2160  
 TTCAATTAGT TGAATACTTT TCAAATCAAG GACTTTCAAC TGAAGAAGCA TTTACAAAAG 2220  
 TTGTGTCATT ATTACATGGT TCATATGCAT TAGGTTTATT AGATGCTGAA GACAAAGACA 2280  
 35 CAATCTATGT TGCTAAAAAT AAATCACCAT TATTATTAGG TGTTGGTGAA GGTTCATG 2340  
 TTATGTCATC AGACGCACTT GCAATGTTAC AAGTGACAAG CGAATATAAA GAAATCCATG 2400  
 ACCATGAAAT CGTTATTGTT AAAAAAGATG AAGTTATTAT TAAAGATGCA GATGGAAACG 2460  
 40 TTGTAGAACG TGATTCATAT ATTGCTGAAA TTGATGCATC AGATGCTGAA AAAGGTGTTT 2520  
 ATGCACACTA CATGTTAAAA GAAATTCATG AACAACCAGC AGTAATGCGT CGTATTATTC 2580  
 45 AAGAATATCA AGATGCAGAA GGTAACCTGA AAATTGATCA AGACATCATC AATGATGTTA 2640  
 AAGAAGCAGA CCGCATTTAC GTTATTGCAG CAGGTACAAG CTACCATGCA GGTTTAGTAG 2700  
 GTAAAGAATT TTTAGAAAAA TGGGCTGGCG TACCAACTGA AGTACACGTT GCATCAGAGT 2760  
 50 TTGTCTACAA CATGCCATTA TTATCTGAAA AACCATTGTT CGTTTATATT TCTCAATCAG 2820  
 GTGAAACTGC AGATAGCCGC GCCGTATTAG TTGAAACTAA TAAATTAGGT CATAAATCAT 2880

55

	TACACGCGGG TCCTGAAATC GCAGTTGCAT CTACAAAAGC ATATACTGCA CAAATTGCAG	3000
	TATTATCAAT CTTGTCTCAA ATCGTTGCAA AAGAGCaTGG TCGTGAAGCA GATATTGATT	3060
5	TATTGAGAGA ATTAGCAAAA GTAACAACAG CAATAGAAGC AATTGTTGAC GATGCACCAA	3120
	TTATGGAACA AATTGCTACA GATTTCTTAG AAACAACACG CAATGCATT CTTATCGGAC	3180
	GTA CTACTATTGA CTATAACGTA AGTTTAGAAG GTGCGTTAAA ACTTAAAGAA ATTTCTTACA	3240
10	TTCaAGCAGA AGGTTTTGCT GGTGGAGAAC TTAAACATGG TACAATTGCC TTAATCGAAG	3300
	AAGGTACACC AGTTGTAGGT TTAGCAACAC AAGAGAAAGT TAATTTATCA ATTCGTGGTA	3360
	ACGTTAAAGA GGTAGTAGCA CGTGGTGCAC ATCCATGTAT TATTTCTATG GAGGGTCTTG	3420
15	AAAAAGAAGG CGACACTTAT GTCATTCTCTC ATGTACATGA ATTGTTAACC CCATTAGTAT	3480
	CAGTGGTTGC ATTACAATTA ATTTCACTAT ATGCAGCATT ACACAGAGAT TTAGATGTTG	3540
20	ATAAACCACG TAACCTTGCT AAATCAGTTA CTGTGGAATA ATTCACTTTT TTAGAATCAA	3600
	TCATGTATTA AAATTAAAGT ATATGGCACC CTTTTAGATT AATCGACTAG AAGGGTGCTT	3660
	TTTTAGGTCG ACTTaGCTTT TACTTCATCT TAATTTGGCA GAAATGCGTa AAAATGAAGT	3720
25	GTTTTATTTA TTAAATAGT CTGACAATTA AGGGTGTAT GTTAATATGA TTTTATGAGA	3780
	AGTATGGAGT AGCAATAAAG GGGTGACCTC GCATGTTAAT TCAATTAGAT CAAATTGGGC	3840
	GAATGAAGCA AGGAAAAACA ATTTTAAAAA AGATTTCTTG GCAAATTGCT AAAGGTGATA	3900
30	AATGGATATT ATATGGGTTG AATGGTGCTG GCAAGACAAC ACTTCTAAAT ATTTTAAATG	3960
	CGTATGAGCC TGCAACATCT GGAAGTGTTA ACCTTTTCGG TAAAATGCCA GGCAAGGTAG	4020
	GGTATTCTGC AGAGACTGTA CGACAACATA TAGGTTTTGT ATCTCATAGT TTAGTGAAA	4080
35	AGTTTCAAGA GGGTGAAAGA GTAATCGATG TGGTGATAAG CGGTGCCTTT AAATCAATTG	4140
	GTGTTTATCA AGATATTGAT GATGAGATAC GTAATGAAGC ACATCAATTA CTTAAATTAG	4200
	TTGGAATGTC TGCTAAAGCG CAACAATATA TTGGTTATTT ATCTACCGGT GAAAAACAAC	4260
40	GAGTGATGAT TGCACGAGCT TTAATGGGGC AACCCAGGT TTTAATTTTA GATGAGCCAG	4320
	CAGCTGGTTT AGACTTTATT GCACGAGAAT CGTTGTTAAG TATACTTGAC TCATTGTCAG	4380
45	ATTCATATCC AACGCTTGC ATGATTTATG TGACGCACTT TATTGAAGAA ATAAGTCTA	4440
	ACTTTTCCAA AATTTTACTG CTAAAAGATG GCCAAAGTAT TCAACAAGGC GCTGTAGAAG	4500
	ACATATTAAC TTCTGAAAAC ATGTCACGAT TTTTCCAGAA AAATGTAGCA GTTCAAAGAT	4560
50	GGAATAATCG ATTTTCTATG GCAATGTTAG AGTAAATATT TTGCAAATAA TAAGTAATAA	4620
	TGACAAAATT TAATTAAGAT AAAATGGACA GTGGAGGGCA ATATGGATAA CGTAAAAGCA	4680

55

AAAGATGTCA TTAATCAATT GAGAGAGAAA GGATATAAAG TATTTTGGC AACAGGACGT 4800  
TCGCATTCTG AAAATACATC AACTTG 4826

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 276:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4846 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 276:

GAATAAAAAG TAAATTAAT CGCCTTTGTT ACCTTTTACT TTATCAATaA AATCAGTTGC 60  
TTTTTCTTTT GCATTTTCAA CGAATTCTTT CGCTTTACCA GAAGCTTTAT CTTCTTTACC 120  
TTCGTTTTCT AAATTTTTAT TATCAGTAAC ATTACCTACT GTTCTTTTAA CATTACCTTT 180  
TGCTTGTTCA AATTTACTTT CGTCTGCCAT AATAAATGCC TCCTCGGAAT AATTAAATGT 240  
TATATATAAT ACTTACCCAC TGAAAAATTA TCTAAACATT TTACTTAAAT AATTTTTGAT 300  
ATTGATTTGA CGTCATTTTA TAACTAGCGA AATAGATTCA TCATTAACCT GAGGGAGTGG 360  
GACTGAAATA ATAAAGAATC ACTAATGATT TATGATGTAT TAGTCACTAG CCATGTGAAA 420  
TTAAAAATAA GAATAAATGA GTAGCACGCA TGCATATAGG ATTTTACTTT ATCCGTAATA 480  
GCATCTCATT CCTAAATATC ATATAAATAC CTGTTTAAAT TAAAAAGCCC AGCAACATCA 540  
CGTTACTGAG CCATTAATAT GATTTATTTA GCAGGAATAA CTGCACCATT GTATTTTCA 600  
TTAATGAAGT CTGAATATC TTTAGATTGT AATACTCAA TTAATGCTTT GATTTTCTTA 660  
TCATCTTGAT GTCCTTCTTT AACAGCAATT AAGTTTGCAT AAGGATTATC TTTCGCACTT 720  
TCTACAGCAA TAGAATCTTT TTTAGGATTT AGTTTTTGTT CGATTGCAA GTTCGAATTA 780  
ATGATAACAG CATCAGCGTC TTCATTTTGA TAAATTTTAG GTAAGAATTC TGCTGATTGT 840  
TTATTATTAA ACTTAATATC TTTTATTTC TCTGTAATAT CACTAACTT AGCATCTTCA 900  
ATTTTACGC CTTTTTTGAT TTTAATTAAA CCTGCATCAA CGAAGAATTT TAAGAAACGT 960  
CCTTGTTTCA CTGGATTATT AGACACATAG ACTGTTGCAC CTTTGGTAA TTCTTTTAAA 1020  
CTTTTATACT TTTTAGAGTA TACAGCCATA GGTCTAAGT GAACATCACC GGCACCTACG 1080  
ATTTTGTAAC CTTTATCCTT TTTCTCTGTG TTTAAATATG GTGTATGTTG GAAATAGTTT 1140  
GCGTCAATTT CACCTTTGTC TAGTAATTTA TTAGGTGTAG TGTAATCGTT AATTGTTTTA 1200  
ATATCTAGTT CATAACCTTT TTTCTCTAAT AATGGTTTTG CTTTTTCTAA AATTCAGCA 1260

	TTACCGCAAG CTGCTAATAC AACTGCAAAT GTTAATACTA AAATAAGACC AAATAATTTT	1380
	TTCATAAAAT GAAACCCCCA ATTTATCGTT TATCAAGTTT ATTTGTAAGC CAATCCCCAA	1440
5	TGAATTGGAT TATAAATACA ATAATTAAAA TAAAACTGT TGATACTAAA ATGACATCAT	1500
	TTTGATTTCG AGTGAAACCT GTTAAGTATG CTAAATTTCC TAAACCACCG GCACCAATTA	1560
	CACCTGCAAC TGCTGTTGAA CCAACTAAAG CGATTGCTGT AACTGTAATG CCAGACACTA	1620
10	GCGCTGGCAT AGCTTCAGGT AAAAGGACTT TACGAATTAC TGTCCAAGTA TTAGCGCCCCA	1680
	TTGACCAAGC CGCTTCGATG ACACCTTTAT CAATTCTTTT AAAAGCAATT TCTACGAGCC	1740
	TTGCATAAAA CGGTGctGCG CCAATGATCA AGGCTGGTAA CGCACCTGTC GGACCACTTA	1800
15	TCGTTCCAAG TATCAAACCT GTAAATGGAA TTAATAATAA AATTAAAAATA ATAAATGGTA	1860
	TCGCTCTAAA TAAGTTAACA ATGAAAGAAA CGATAGAATA AAATAACCTT GCACCGATAG	1920
	ACTTACCTTT AGCAGACAAG AATAATAACA CACCTAAAAT AAGACCAAGT ATAAATGCAA	1980
20	ATATAGTTGA GACGACTGTC ATGTATAGTG TTTGACTAT TGCAGTCCAA ACTTCTGGCC	2040
	ACTGAATATT AGGCATTGTA ATCATTTCAT TTATAATTTT ACTAAATGAT TTACCCATGT	2100
25	CTTAACACCT CCATTTTAAC TTGTCGCTCA ATTAACCTT TTTTGAATTT TCCGAAATCT	2160
	ACACTTGAAA TATATGGAAT ATGCAGAACT AAAAAGCCGA CTGTTCCATT TTTTGTATTT	2220
	TTAATATTTG CTTCTAAAAT ATTAATTTTA ATATCATAGG CAGTTGATAG ACTCGATACA	2280
30	ATAGGCTCGG TTGTTGTTGA ACCAGCGAAA ACTAATCTAA CGATATATGC ATCTTTTCT	2340
	AATGGCTCTA ATTCTGTTAA AGATGTTTTG AAATCATCAT TTAAATCGTC TTTTCAAAAT	2400
	CGTTTTGTCA CAGTGTGTTG CGGATTTTCA AAAACCTGTG TCACCGGTCC TTGTTCTATC	2460
35	ACTTTACCAC TTTCCATAAC TGCAACTTCA TCACAAATAC GACGAATGAC ATGCATTTCA	2520
	TGCGTAATTA GTACAATTGT TAAATTTTGT TGTTCTCTAA TTTTGTAGTAG TAGATCTAAA	2580
	ATTTTCTCTG TTGTTTGGCG ATCAAGTGCA CTGTTGCTT CATCACAAAG CAAGACCGTT	2640
40	GGATCATTaG TAACGCTCGT GCAATCCCCA CACGTTGCTT TTGTCCACCT GATAACTCTG	2700
	ATGGATAAGC CTTTTCTCTA CCTTTTAAAC CGACGAGTTC GACAAGTTCT AATGCTTTTT	2760
45	GCTTAGCTCT CTTCTAGGG ACACCTGCRA TTCAAGCGG AAACATAATA TTTTTTAACA	2820
	CAGTCCTTGA CCATAACAAA TTAAAATGTT GGAAGATCAT ACTTACTTTT TGTCTTTTTG	2880
	CTCTTAATCC ATTTTTGGAC AATTGACCTA TATGGTCTCC ATCTATAATA ACTTCACCTG	2940
50	ATGTAGGCGC TTCTAAATGA TTAAACATTC GAATCAAAGT ACTTTTTCCT GCTCCAGAAA	3000
	AACCAATGAC GCCATAAATC GATCCTGCTC GAATCGATAA ATTAACGTGA TCTACAGCAA	3060

55

	TTCCTCCCTG	TGTTGCTTAA	TAAAATAAAA	AATGCTTTCT	CAATATCGAT	AGAAAAATTG	3180
	AGAAAGCAAT	AGTAGTATTG	TTTCTCTCAT	CTTCAAAAGT	TAAAACTTTA	TGTGAATTGG	3240
5	CACCATTCTT	ATATAAGACG	GTTGCCGGGC	TTCGTAGGGC	ACATCCCTCC	ACCACTCTCG	3300
	ATAAGAGTTT	ACGCATCATT	TAATTTGTAT	TAATCCTAAC	ACCTTAGTAA	AATTTCTGTC	3360
	ATAACTATTT	TAAATTTTCT	AACAAATCAG	TCACCGATTT	AAATGCATAA	ATTCGTTTAA	3420
10	CTTCTTTATC	TTTATTCATC	AACAATAAAA	TCGGCGTAGA	CATGATTTGC	ATATCTTTAC	3480
	AAAAGTGAGG	ATAAAAGTTT	AAATCTATTT	TCAATAATGG	TAAGTCAAT	ATTTCAATTAG	3540
15	CAATGTCTAA	CATTCTTTCT	GaAACCTTAC	AAGTACCACA	CGTTGGTGTA	TAACCAAAGA	3600
	TTAAATGTTT	GTCTTCCTCA	TAAAATGTAG	TTACATCTTT	GATGTCTAAT	GAATTATTCA	3660
	TTTACTAAAA	CTAACCTTTC	ATTATTTATA	TTCGGTAAAA	GAGGTGTTTC	TTTCTTACAA	3720
20	GTAAAGCCAT	GTTTTGAAAG	TACATGCGCC	AAATATTGTT	TGGGGCAATT	CGCAACTTGA	3780
	CAGTAAGTTT	TATCAATAAA	TATATGTTCA	CTTTCACCTA	AATAACGTTT	AAACCAATTT	3840
	CTAATTCGAT	CTCCTTCGTC	ATCAGAATCG	GCTAATACAA	AAACTTGTTT	ATCATACAGT	3900
25	GATTCTATCA	TATCATCAAG	CTTATCTATA	CTCATTGTTC	CATGAGTACA	AATAATATTG	3960
	ACTGGTTCTG	CAATAACCTG	TTGCACCCCT	TTTTTATCAG	ATTTTCCTTC	AACAATTATC	4020
	ACTTTATTTA	CAATAGCCAT	CATCATCACC	CTTTAAAATC	AATAAACATC	TGTCACTGTA	4080
30	TCATTTTACA	AAATGGGTAT	GAATAAAACA	TAAATCACAA	AAAATTTAAA	CTAGCTTAAT	4140
	ATAATAATTA	CAAACTCAAT	GTTTGACTAG	CTGGAACATT	TAACATAAGC	AGACAAAGGC	4200
	TAAGTCAAAA	ATCAACATCC	TAAAATCTAC	AATGTTTATAT	TAACAATAGT	TAACCAAAG	4260
35	AAAATACACC	TATAACAAAC	TTTTCAATTA	TAGCGGGGCC	CCAACACAGA	AGCTGATGGT	4320
	AAGTĒAGCTT	ACAATAATGT	GCAAGTTGGC	GGGGCCCCAA	CATAAAGAAA	TACTTTTTCT	4380
40	TTAGAAATTA	GTATTTCTTA	TGCATGAGTT	TTACTCATGT	ATTCCTATTT	TTAAATACAC	4440
	ATTAGCTGTG	GCTTATGAAA	ACAGGCTGGG	ACATAAATCA	ATGTTCTATG	CTCTACGAag	4500
	TTATATTGGC	AGTAGTTGAC	TGAACGAAAA	TGCGCTTGTA	ACAAGCTTTT	TTCAATTCTA	4560
45	GTCAGGGGCC	CCAACACAGA	GAATTTTCGAA	AAGAAATCT	ACAGGCAATG	CAAGTTGGGG	4620
	ATGGGCCCCA	ACAAAGAGAA	ATTGGATTCC	CAATTTCTAC	AGACAAATGCA	AGTTGGGGTG	4680
	GGACGACGAA	ATAAATTTTG	CGAAAATATC	ATTTATGTCC	CACTCCCTAG	ATTGATCTAT	4740
50	AGATACTACA	CTTATTAAAG	TAATATATTT	TTATGATTCT	CTTAGCTGCA	ATCCCATGAA	4800
	TACATGTAAT	CATCAAACCT	CATAGCCTCA	AGGTCAGTAG	ATTTCA		4846

55

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1843 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 277:

AACAAAGACA CAATCGAACA TGAACCATCA GTAAAAGCTG AAGATATATC AAAAAAGGAG 60  
 GATACACCAA AAGAAGTAGC TGATGTTGCT GAAGTTCAGC CGAAATCGTC AGTCACTCAT 120  
 AACGCAGAGA CACCTAAGGT TAGAAAAGCT CGTTCTGTTG ATGAAGGCTC TTTTGATATT 180  
 ACAAGAGATT CTAAAAATGT AGTTGAATCT ACCCCAATTA CAATTCAAGG TAAAGAACAT 240  
 TTTGAAGGTT ACGGAAGTGT TGATATACAA AAAAAACCAA CAGATTTAGG GGTATCAGAG 300  
 GTAACCAGGT TTAATGTTGG TAATGAAAGT AATGGTTTGA TAGGAGCTTT ACAATTAAAA 360  
 AATAAAATAG ATTTTAGTAA GGATTTCAAT TTTAAAGTTA GAGTGGCAAA TAACCATCAA 420  
 TCAAAATACCA CAGGTGCTGA TGGTTGGGGG TTCTTATTIA GTAAAGGAAA TGCAGAAGAA 480  
 TATTAACTA ATGGTGAAT CCTTGGGGAT AAAGGTCTGG TAAATTCAGG CGGATTTAAA 540  
 ATTGATACTG GATACATTTA TACAAGTTCC ATGGACAAAA CTGAAAAGCA AGCTGGACAA 600  
 GGTATAGAG GATACGGAGC TTTTGTGAAA AATGACAGTT CTGGTAATTC ACAAATGGTT 660  
 GGAGAAAATA TTGATAAATC AAAAATAAT TTTTAACT ATGCGGACAA TTCAACTAAT 720  
 ACATCAGATG GAAAGTTTCA TGGGCAACGT TTAAATGATG TCATCTTAAC TTATGTTGCT 780  
 TCAACTGGTA AAATGAGAGC AGAATATGCT GGTAAACTT GGGAGACTTC AATAACAGAT 840  
 TTAGGTTTAT CTAAAAATCA GGCATATAAT TTCTTAATTA CATCTAGTCA AAGATGGGGC 900  
 CTTAATCAAG GGATAAATGC AAATGGCTGG ATGAGAACTG ACTTGAAAGG TTCAGAGTTT 960  
 ACTTTTACAC CAGAAGCGCC AAAACAATA ACAGAATTAG AAAAAAAGT TGAAGAGATT 1020  
 CCATTCAAGA AAGAACGTAA ATTTAATCCG GATTTAGCAC CAGGGACAGA AAAAGTAACA 1080  
 AGAGAAGGAC AAAAAGGTGA GAAGACAATA ACGACrCCAA CACTAAAAAA TCCATTAACT 1140  
 GGAGWAATTA TTAGTAAAGG TGAAYCgAAA GAAGAAATCA CAAAAGATCC GATTAAATGAA 1200  
 TTAACAGAAT ACGGACCAGA AACGATAACA CCAGGTCATC GAGACGAATT TGATCCGAAG 1260  
 TTACCAACAG GAGAGAAAGA GGAAGTTCCA GGTAAACCAG GAATTAAGAA TCCAGAAACA 1320  
 GGAGAYGTAG TTAGACCACC GGTGATAGC GTAACAAAAT ATGGACCTGT AAAAGGAGAC 1380  
 TCGATTGTAG AAAAGAAGA TATTCCATTC TGAAGAAGAC GTAAATTTAA TCCTGATTTA 1440

CCAACACTAA AAAATCCATT AACTGGAGAA ATTATTAGTA AAGGTGAATC GAAAGAAGAA 1560  
 ATCACAAAAG ATCCGATTAA TGAATTAACA GAATACGGAC CAGAAACGAT AACACCAGGT 1620  
 5 CATCGAGACG AATTGATCC GAAGTTACCA ACAGGAGAGA AAGAGGAAGT TCCAGGTAAA 1680  
 CCAGGAATTa AGAATCCAGA AACAGGAGAT GTAGTTAGAC CACCGGTCGA TaGCGTAACA 1740  
 AAATATGGgA CCTGTaAAAG GAGACTCgAT TgTaGGAAAA AGarGAATTc CaTTCaGGAA 1800  
 10 AGAcGTaATT TaTCCTGTTT AGCACCCGGG GCAGAAAAGT TAC 1843

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 278:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 8536 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 278:

TAAACAGCGC GTGTACTTGT GATTCCCCCT TCTTCTATTT TACCCACCCG GGAAATAATA 60  
 25 CTTTTCGCGA TTCCTTACTT GaACAAGCAA TATTTTATCa GCTGTTTCTT CAACTAAACA 120  
 GACACATTTA ATCATCTTTG ACACCCCAAC TTTGTGAAAT CAATTTTTCa AATTATACTG 180  
 TACAATTATG TTATCATATA TGAGTAGTTA TAGCGCAAAA CGTTAGCAAT TCAGCGCACC 240  
 30 CAACTTTTCA TATAAACAGA AGATACTAGG GGAATTATT ATTATGGCAA AACgTTCCAA 300  
 ATCACAACGT TTATCAAGTT TACTAAATGT CGCAGGTTTC ATAGTCGACG GCTACAATGG 360  
 CTATAAATAT CATGCTAAAA ATAAAAAATT AGTATATCTT TCATTAGGTT TAAGCACTGT 420  
 35 AGGAACCGTG TTAGACTTTT ACATTTCaAT TAAGTCACCA CGTAAGTTCA AAAAAGCAGT 480  
 GGCAGTTGTT ACTTTAATAA CAAACGGTGC TAGATTATTT ACAAGCATTc GCAAAGTAAA 540  
 40 ACATGAATAC TAATTCAGAA AAGGATTGGT CGAACATAGA ACATGAAGTT CATTGACCA 600  
 ATCCTTTTTT ATATACAAAA ATTCTATTA CAACAATCAC GACTTTGATA GCCCCGCCAT 660  
 AAAATTTAGG ATTCAATCCA ACTTTTCAGC TTGTGaAATG TAATAGGaAT TCATTATATA 720  
 45 TTTATATACG TAAGACTTTA GTGAATATAT CTATAATTAT TTAATTGGTA AGCTGGTACC 780  
 GTTCTGTAAG TTAAAATACC TGGTGCAGCT GAATAGTTCA TTTCTGAAAC TAAAATACTA 840  
 CCATCGTTAT TTACACGTTT TACAAACATA ACATGACCAT AGTAACCTAC ATCTGTTTGA 900  
 50 GCGATAGAAC CTACAGTAGG TCTATTGTCG ATAGTGTAAC CATCTGCTGC CGCTGCGTTA 960  
 TCCCAGTTAT TAGCATTCCA CCAATAAGTA CTAATACCTT TACCAATTTT AGCACGACGA 1020

## EP 0 786 519 A2

	GTATTGTAAC CTCTATTTGT CGTTGTTGCA GATCCTGAGT TCGTAGATGC aTTACCAGTT	1140
	ACTTTCAATT TTTGACCCCG ATATATAAAG AAATTATTTA AGCCATTAA GCTCATAATT	1200
5	TTTTGATAAG TTGTACCATA TTTTGATGCA ATTAATGACA ATGAGTCACC TGCTTGTA CT	1260
	GTATAGTATG ATCCGCCACC TGAGTTCGTT GATGGACGGC TACTATTGCT CGCAGCGTTA	1320
	CTTGAGCTAG CAGTACCTGA TACTTTTAAT TTTTGACCTG GATAAATAAA GAAATTATTT	1380
10	AAACCATTA GTCGCATAAT GTTTTGGTAA GTTGTAACAT ATTTTGATGC GATTAATGAT	1440
	AATGAGTCGC CTGCTTGTA TGTGTAGTAT GATCCGCCAC CTGAGTTCGT TGATGGACGG	1500
	CTACTATTAC TCGTAGAATT ACTTGAGCCA GATACTTTTA GTACTTGTT TGGGAAAATT	1560
15	AGATTAGATG TTAAATTGTT TAATGACTTT AATTTAGCAA TCGAAATCCC ATACTTATTT	1620
	GAAATTGCCC AACTGATTC ACCCGGTTTT ACTGTGTGAG TTGTAGCCGC ATTTGCTTGA	1680
20	GTTGCCGCAA CAGCGCTAAT CGCGCTTGTC CCAATAATAG CTGCAATTAC TTTTTTTTGC	1740
	ACTTTAAAAT CCTCCTCTTG CTTAACTTTC CTAACATTCT TTTATCCGAA TTTATGAATA	1800
	CTACATCATT ATACGATTTT ATTATGTATA ATAGGTTGAT GTTTGATGAC ATTATGaTTA	1860
25	CAAAAAATC ATATACTGTA TCATCAAATT TTATAATTAT CCCTTAAAAT TATTACAACT	1920
	TATTAGATTT TACAATATCT AAATTATTAC AATTTCATAA TATTTCACTA TAAAATGATT	1980
	ACAATCCCTT TCTCTATTGG AAATAATTTT ATTCTCCAAC AATAACGCCC TACAAACATA	2040
30	AGCATGAACT TTGCTTGTA GACGCAATAT AATTTATTTT GCTAATGACG TTTCTATTGC	2100
	CTTAATCTCA TCTTTAGATA AATTAACAGG TTTCTCTCCA TCTTTGACAT CTTCTGCAA	2160
	CGCTTTTTGA GCTTCTTTTG AATGATACAA TTCTACGATT TTAGCATATG TTTTGTTATC	2220
35	CAAGTCTTTG TCATTAACTG CAACAATATT AATATATGGC TTTACTGCAT CTGAATTTGA	2280
	TTTTTCTAAA AATATCGGAT CATTTTTAGG ATCTTTACCC GCTTTAGTTG CTACACCGTT	2340
40	ATTAATAACT GCAATATCGA CATCAGATAA AGCACGTGCA GTTTGTTGTG CATCTACTGC	2400
	AGTAATTTTT AAATGTTTGG GATTTGACGT TATATCTTTC ACCGTGCCTG CTAATCCGAA	2460
	ATCTTTTTTC AGTTTTATTA AACCAGCTGC TTCTAATAGT TTAAGTGCAC GTGCTTGGTT	2520
45	TGACACATCA TTTGGAATGA CAACTTTAGC ACCATCTTTA ACCTTTTTGA CATCTTTAAT	2580
	TTTATCTGAG TAAATGCCCA ACGGTGCTAA AACTGTTGTA CTTAATGCTG AAATCTTTGT	2640
	TCCTTTATGC GCCTTTTTAT ATTGATCTAA AAATGCAAAA TGTGGAATG CATTATATC	2700
50	AATATACCA TCATTTAATG CTTTATTCGG TAAATTGTAA TCTGAGAAGT GCTTAATCTC	2760
	CACATCAATA TCATCTTTTT TAGCTAATTC TTAAACCTTC TCCAAGCCT TAGTGTCATT	2820

55



## EP 0 786 519 A2

	AAGTGCTACG	ATAACTAACC	CAATCAATCT	TTTCATTCTA	TCAATTCCTT	TCAAAATCTT	2940
	CACTATATAT	CATTAAATGTC	TACGTATGAA	TCTAGCTAGA	ACATTCCCTA	GCGTTTGAAT	3000
5	CACTTGGACA	ATAATGACTA	ATACAATAAC	GGTAATAATA	ATGACCGTCG	TATCAAATCT	3060
	TTGATAACCA	TACACTAAAG	CTAAGTCTCC	TATACCACCA	CCGCCAACAG	CTCCTGCCAT	3120
	CGCCGTACTT	CCAATAAGTC	CAATAATCGC	AGTGGTAATT	GCTAATACTA	ACGAACCTAA	3180
10	AGCTTCAGGA	ATTAAAAAAT	ATCTAATGAT	TTGTAGTGGT	GAAGCGCCCA	TCGnTTTCGC	3240
	CGCTTCAATA	ATCCCCTCGT	CTACTTCCAA	TAATGAGTTT	TCAACAAGTC	TTGCAATGTA	3300
	AGGTGCCACA	TATACTGTTA	AAGGCACGAT	GGCAGCAGTC	GTACCAATTG	AAGTACCTAC	3360
15	TACTAATTTT	GTGAATGGCA	CAATCGCAAT	TAACAAAATA	ATAAATGGTA	GTGACCTTAA	3420
	AATATTGATT	AAAGGATTTA	AAACTTGATG	TATCACTATA	TTGGGCCATA	TGCCTTGTTT	3480
20	TCGAGTAATT	ACCAATAAGA	CACCTAATGG	AATACCAATC	ACTGCTCCTA	AAAATAAAGC	3540
	AATAGATACC	ATATATAGCG	TTTCGTACAA	TGCTTGTAAT	AACTGTGCAC	TGTCTAAATC	3600
	AGAACCAAAC	ATATGTTAAT	GcACCTCCTC	AAATTGAATA	TTTTTCTCTT	TGAAATATTG	3660
25	ATTTATTGCC	GTGTCTTCAA	ATTGTTGATC	CATATTAAAT	CGAAGCCACA	TATAACATAC	3720
	GGTGTTACCT	TGTATTTCTG	ACATAGATGA	AAATAAAATT	TTAACCTCTC	TGCCACAAAT	3780
	TTGAATCAAG	TCATTTATAA	TCGGTTGTGT	CACCTGAGTT	TCCTCGACGA	AGATTTTATA	3840
30	ATCTTTAAAA	TCGCCAACTT	GTTTCGTCAAT	CAATCGACGA	ATCAATGATG	TACTTGGCTC	3900
	AGTCTGTATA	ACTGTAGACA	CAAAATTTTG	AGCAATCGTC	GTTTTAGGAT	GACTIONACAC	3960
	CTCTTTAACA	GTTCTGTGTT	CAACCACTTT	CCCCTTTTCC	ATTACAGCAA	CACGATTACA	4020
35	AATGTCTTTA	ATAACGCGCA	TTTCATGTGT	AATCATCATA	ATTGTAATGC	CAAAGGTTTG	4080
	ATTGACATTC	TTTAATAACG	TCAATATCGA	AGCAGTCGTT	GCTGGATCCA	ATGCGCTTGT	4140
40	TGCTTCATCG	CATAGGAGTA	TTTTCCGATT	AGTAACAAGC	GCTCTTGCAA	TAGCCACCCT	4200
	TTGCTTCTGC	CCACCAGATA	ATTCATCAGG	AAATTGGTCT	TTTTTATCAC	TCAATCCTAC	4260
	AAATTCAAGC	ATTTCCGTTA	CTCGTTGCTT	AATTTCTGTT	TTGCTTTTCT	TACTTAAAT	4320
45	GAGTGGCATT	GCTACATTTT	TAAATACGGT	AGCTGAATTT	AATAAATTGA	AATGCTGAAA	4380
	TATCATACCG	ATATCTTTCT	TAATATCCCT	CATCATTTTA	TCGCTATAAT	TCGTAATATC	4440
	ATGTCCATCT	ACAATCACTT	GTCCATTCGA	GGCAGCTTCA	AGATGATTCA	CGAGTCTTAC	4500
50	CAACGTACTT	TTTCCTGCAC	CACTATATCC	AATCACACCA	AAAATATCAT	TGCGATTGAC	4560
	CGTAAATGAT	ACGTCCTTCA	AAGCATCTAT	TTTTTGCTTC	TTTTTATTAA	AGGTCTTACT	4620

55

## EP 0 786 519 A2

	TAAGAGCATT ATATGTAAAA TTGCATATAT CGTcAATACA ATTTGCCGAA TTTTCTAAAA	4740
	AATTAAAAAA TAAGTAATTC ATGTGACAAT GACGAATTGT GAGACTACTA TGACATTTAT	4800
5	CAAATTAAAT CCATAAAAAT GTCCACCAAT CCTCCACAAC GCAATTACTA AATATTAACA	4860
	TCGCACAAAA AAGCACTAGC ATATTCAAGA ACAACAAACG TTGAACTCAA AATATATGCC	4920
	AGTGCTGCTA TTATTTATAA AGTATCTAGT GCTTGTTTTA AATCATCGAC TAAATCTTCA	4980
10	GTATCTTCAA TACCTACAGA AATTCTTACA AGTCCGCTCG TAATACCTTC TTTAGCTCGA	5040
	ATATCTGCTG GAATGGATGC ATGTGTCATC AATGCAGGTA CTGAAATTAA ACTTTCCACT	5100
	GCACCTAAAC TTTCAGCTAA TGTGTAATAC GATGTTGCTT TAATCAATTG TTTGGCACTT	5160
15	TCTGTATTTT TCACTTCAAA TGCAATCACA CCTGTATGGC CATCCGCTTG AGCCATATGG	5220
	ACATCATGAT TTAAATGACT TTCAATACTT GGATGGAACA CTTGTTGCAC AGCTGGATGT	5280
20	GCTTGTAACA TTTTAATAAT TTCAATAACG CTGCGATTAA TTTGTTCCAT ACGTAAACCT	5340
	AATGTTTTAA TACCCCTCAC AAGTAAATAG CTATCTTGAG GTCCTAAAAT GCCACCTGTT	5400
	GAATTTGAAA TAAATGCTAA ACGTTCCTGCA AGCTTGTCAT CCGATGTTGC AACTAAACCA	5460
25	GCAACGACAT CACTATGTCC ACCTAAATAT TTCGTTGCAG AATGTAAGAC AATATCGATA	5520
	CCTAAATCTA ATGGATTCTG ATAATAAGGT GTCATAAATG TGTATCAAC AACTGAAATC	5580
	AAACCGTGTT CTTTCGCAAT TTCAGCAGAC TTTTAAATGT CAGTAACACG TAATAATGGA	5640
30	TTAGAAGGTG TTTCAATAAA CAACATCTTT GTTGTGGGC GTATCGCTTG TACAATTGAA	5700
	TCTGTATGCG TTGTATCTAC AAAATCCACT TCAATGCCAA ATCGTGTAAT TACTTTTGTC	5760
35	AATGCGGAT AAGTACCGCC GTATACATCT GAATTTAAAA TAATATGATC TCCTTTGTCC	5820
	AACAGCATAA CAACTGCACT GATTGCTGCA ACACCTGAAC TAAATGCAAA GCCATGTTTG	5880
	CCATTTCTA ATGTCGCAAT AACGCTTTCT ACAGAACTTC TTGTTGGATT CGCAGTACGA	5940
40	GAATATTCAT ATCCTTGACG TAAATCACCA ATATCATCTT GTAAATATGT ACTTGTTTGA	6000
	TAAATTGGTG TTGTAACGGC ACCTGTATAA TCGTCTGTTG TGTGCCCACC ATGAATTAAT	6060
	TTAGTTTTCT TGTTCAATTAT TATTCTCCTC ATAATTAAAT ATTTGCTTAG ACATATATCG	6120
45	ATCACTACCA TCTGGAAATA CGACAACAAT CGTACCTTCA GATAATTGCG CTTTTAAATT	6180
	CAATGCACCT TGTAATGCTG CACCTGaAGA ACTGCCTACT AACAAACCCTT CATTTATAGC	6240
	CAAACCTTTG ACATTTGCAA AGGCATCTTG ATCTTTAATC GTAAATATCC CATCTACAAG	6300
50	ACGTCTCTCT AAAAATATCG GCCATTTCTC AGAACCGATA CCTTCAGTGT CATGTGCATG	6360
	AGCTGGCCCT CCATTTAACA CGGACCCTTC TGGCTCAACG GCATAACATT GCACGTGATG	6420

55

EP 0 786 519 A2

	ATAATCAATT TGCTGTAATG CTGAAGTCAA TTCGGGTCCC AATGTATGAA AATATGTATC	6540
	CGGATTATGT TCGGATTCAA ATTGATTTCAT ATAAACGGCA CCATATTTTT CAGCATAGGA	6600
5	ACGTGCAGCT AATTGTGCCC CATGCATACC TTCAGACTGA CTCGTCCTTG AAACCTCTGC	6660
	ACCAAGCGCT ATCATAATAT TAATCTTTTC TTCTGAAAAA CCATACGGCG CAAAGATCTT	6720
	ACATTTCAAA TGATGTCTAT TCGCTGCAAT AGCTAACCCCT ATGCCTGTAT TACCAGCAGT	6780
10	CGCTTCAACA ATAGTTTGAC CTGCACGCAC ACGCCCTTCT TGAATTGCCT TCTCTACTAA	6840
	ATATTTCCCG AGTCTGTCTT TAACACTGCC TCCAGGATTC CATGTGTTCA GCTTGGCATA	6900
15	AATTTTAACT TTATCATCAC TATAATGTTT TAACAGTACT AATGGTGTAT TGCCaATTAA	6960
	ATCATAAGTA ATCATAGATG CACCCTCATC TGACATGCCG ATCAAATGAA TGAAACCTTT	7020
	CTTCATGTCT CAATTTTAAT TCTTACTTTT CAGATAAGAA TTATAAACGA CATTTTGTTA	7080
20	TTTTGCAATT ATCTAAGTTT CGATTAATTC AGAACAGTA CTAAATTTTC AATCCAAAC	7140
	AAAAAACAC CTGAGCAACA CAAATACTTG TGTGTCAGAT GCTTCTATAT ATTAACTAAA	7200
	TAATTGCACG ATAAAGACTA AAATAATAAC GACAGGCATC GCATACTTAA TTAAGTAATA	7260
25	CCAACCACTG AATAATCTAA ATCGATCTTT ACCAAAATAT TGTGTAATA ATTTTTTATC	7320
	TAATAATTGT CCTACGACAA GCGTAGTACC TAATGCGCCT AATGGCATCA ATACATTCTGA	7380
	AACGATGAAA TCCATATTAT CAAAAATCGT TCCCGCACC G AATCTTACAT CTTTTAAGAT	7440
30	ACCAAAAGAT AAGGTTGCTG GAATACTAAT GATAATACT AAAATACTAC CGATCACTGC	7500
	GACTTTTTTA CGTTTTGTAT TGTCATTCTT CGTGAAGTTA GAAACATTTA ATTCTAATAA	7560
35	AGAAATAGAT GACGTTAAAG CCGCAAATAA GAACAGCACT AAGAATCCCA AATAGAATAA	7620
	TGTGCCTAGA TGCATTGAC TAAAGACCAT TGGCAGTACT TTAAATAATA ATCCAGGCCC	7680
	TTCTGTGGT TCATAGCCAA AACTATGTAA AGCCGGAAT ATAGCTAGAC CTGCCAATAC	7740
40	AGATACAAAG ATATTCATAA CAACGATAGA AATAGCTGAT GACTTAATCG TCATGTCTTT	7800
	AGAGGCATAA CTCGCATAAG TAATCATACC TGTAGTTCCT AATGATAACG TAAAGAATGA	7860
	TTGACCTAGC GCAAACAAGA TGCCATCAGC AGTAATCTCT GATACTCTTG GTTGTAATAA	7920
45	AAATTTCAAC CTTTCTAAGA CGCCATCTAA TGTAAAGAC TTAATCACAA TGACGATTAA	7980
	AAAGACAAAC AGCAATGGCA TCATAACTTT CGATGCCTTT TCTAATCCTT TTTCAACACC	8040
	TAACATGACA ATAATCATCG TAGCGAATAT GAATATACCT TGCCCTAGAA CGGTAAACCA	8100
50	AGGATTTGAT ATTACCGCTT CAAAATTCAT TTCTTGAGA TGATTGATGC GTTGAAATAT	8160
	AACTAATTGC CATAATACTT GTCCGATGTA AATGACAATC CAACCACCGA TAACACTATA	8220

55

TTTACCAGTT AATTTACTAT ATATTTGTGT TGTATATGTC CGTCCCATT TCCCAACAGT 8340  
 GAATTCCATA ATGAGTAATG GCAACCCAAC AAAAATGGTG AATATTAAGA ACATAGCTAG 8400  
 5 AAAGGCACCG CCGCCATAAA TCCCTGCCAT ATATGGGAAT TTCCACATGG CACCAAGACC 8460  
 GATTGCAGAA CcCGCACTAG CTAAAATAAA TCCAGTTGAT GACTTCCATT GTGATTGTTG 8520  
 TCTTTTCATC ATTCAC 8536  
 10

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 279:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4328 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear  
 15

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 279:

GCTTTGGCCA TTTTATGTGG CGATTGAGAC AATCtGTkGT TGTCTTATTT GATGTTGTAT 60  
 TTCAACTGGT AATTCTAGTT GCGATTGAAA TAATGGCAAC TTTTCCCAAT CATTAAACAAA 120  
 25 TAATTCAATA CCTGCTATGT CTAATACTTT AGCACGTGCA TCATCAACAA GACGGCGTTC 180  
 CAATTGATTT GCTTCTTCTT TAATACCTGG TGACGTACTT TCTAATATCA AATTAGATAT 240  
 AGGGATGTGA CCATTAATTG CATAATATAA TGCAACACGC CCACCCATTG AATATCCAAA 300  
 30 CAATGTTATT GATTTATCTT TATATTTATC TAAAATTCGG TCTAACAACG TCGTAATATA 360  
 ATCAAAATTC CACGTTTCAT CCATTGAAGA CTGATCTTCG CCATGGCCTG GTAAGTCTAT 420  
 35 AGTGATGACA TGATAGTTAT CAGTAAATTT TTCGATGTGA TTATGATAAG TACGGCTGTC 480  
 GCTAAGAAAT CCATGCAGAA ATACTAAAAC TTGATTGGTC TCAACGTTTG CTTCATAAAA 540  
 TTTETAATGT GTCATGAATC ATTTCACTCA ATTTCTGGTA TAAAATTTGA TGCTGTTTAA 600  
 40 AGTTATCTTC GCGATTCGTT ATCAATTCAT AAATCGTCGA AGTTTCAGAT AACAAATGTGG 660  
 CATTTTTTAAA TTCTGAAACA CTGTTAAAAC GTTTAAAATC GAATTGATAT AACTTAGCTG 720  
 TATACTCGAA ATCCAATCCC GTCGGTGTGC CAAACAACCG TTCAAAATAG TCAGTTGCAC 780  
 45 TTTCTTTTTG TGGTAAATAT GAAAAAATAC CGCCACCATC GTTGTTCAAT AATACAATAT 840  
 TCATCTGAAT ATTATTTAAT TTTGACATTA ATAGTCCATT CATATCATGA TAAAATGATA 900  
 AATCACCTAT CAATAATGTT ATTCGTTTAT GCACAGCCAT ACCCAGTGCA GTTGAAACGA 960  
 50 TACCATCAAT ACCATTGCA CCACGATTCG CATAGACATC TATATTTTTA TTCAATAACA 1020  
 AGTTATCTAC ATCTCTGATA GGCATACTAT TACTAATAAA TAATGCATCT TTTTCAGATG 1080  
 55

	TAATTTCTTT ACGCCCTTTT TTCTCTAAGC ATTGCCATTT TTCTAACCAA CTTACGCGAT	1200
	TAACTGTCGT GTCTTCCATT AATGACCTAA AGAAATCATT CGCAGAAATC TCATATGAAA	1260
5	TATCTGGCGC TATCGGAAAG ACATCAATCT TATCATTGTT TTGCACTAAT ATTTGAAATG	1320
	CATCAGTTTT CTTTAACCAT TGATTTAACT TTTTAGAAAT CACTGGTTTC CCAACACGAA	1380
10	TTACGAAATC CACATTTAAG TCTAAGCCGC TTCTAAACAG CAAATCATAT GTACAGATAA	1440
	CATTGGGATG ATCAAATTTT CTTAAATGAC TTAAAGGATC AGCTAAAATA GGCAAATCAT	1500
	ATATCGTTGA ATACGTTAGT ATTTGATCAA CTTCTGGTG CTGCATATCC CCTACAATAA	1560
15	TTAAACCTTT TTTCTTATTT AAAATGTGTC TTAATGCCGA TGCATCTATA CTTTTTTGAT	1620
	AGTGCGGTAA AATCTTCATC TCAGAAGTTA ACAATTCTGT TGCATTCAA TCAGGTGTTA	1680
	ACGGATCTCT AAATGGCAAG TTAAAATGAA TTGGCCCTTT ATGTGGTCCA TATAAATATT	1740
20	GACTAGCAAT TTGCATTTGA TAGTAAATTG CATCAATGGT CTCTTTACTA TCATCCGCAA	1800
	TAGGCATATC GAACTCATAA CTTACATAAT TATTAAACAT ATTTACTTGA TTAATCGCTT	1860
	GTGGTGCGCC TACACTTCTT AATTCATGCG GACGGTCACT TGTTAAAACG ATTAAAGGAA	1920
25	TTCTACTAAT TTGGCTTTCA GCAATTGCAG GCGTATAATT CGCTGCTGCT GTACCTGACG	1980
	TACATAATAT AGCGACAGGT CTTTCACTGC CTTTAATTAA CCCAACTGCA AAAAACGCTG	2040
	CACTTCGCTC ATCGGGGTGT ATCCATGTTT TAATATTTGG ATGTGCTTCA AATGCAAGTG	2100
30	CAAGTGGCGT TGAGCGTGAT CCCGGACTGA TAACTACTTC CCTTACGCCG TACGCATATA	2160
	ACTCAGATGC AAATGTAAAA ACTTGCTTCG TTAAAGCTGC TTTATGATT CCCATTCATA	2220
35	TCGACTCCTA ATGCATTCAT CATAGGTGTG AACTTAAGGT TCGTTTCTGC CAATTCACTA	2280
	TCTGGATCAG AATCTTTAAC AATGCCACAC CCAGCAAATA AAGTTGCTTG TGCTTTCTTA	2340
	ATAAGCATCG AACGAATTGC AACAAATAAT TCACAATCAT CGTATATATC TATATAGCCA	2400
40	ACCGGTGCAC CATATAATCC TCGCGTACCA AATTCTTTCT GCTCAATAAA ATCCATTGCA	2460
	AATTCTTTTG GATAGCCACC TAAAGCAGGT GTTGGATGTA AATTATCAAT TAAACTAATA	2520
	TACGAATCAT CCTTCAGTGG CGCCTTTATT TCAGTGATCA AGTGATATAA ATGATCATTT	2580
45	TTTAGAATTT TAGGCGTCTT ATCATAATGT AATTCAGTGA TATAAGGTTT AATATCATGT	2640
	AAAATACTGT CAACAACAAA TCGATGTTTG ATTAAGTTTT TATTATCTTT TAAAAATGCT	2700
50	TCAACATTTT TTGTATCTTC GTCCTCATCT TGTGAACGTT TAATTGTACC TGCTACAGCT	2760
	TTAGTCGATA GTATTTTATT ATTGACCTTT ATTAATTGTT CAGGTGTTTG TGAAAAGAAT	2820
55	ATAGAATCTT GTGATTCTAA CAAGAATATA TAACTGTTTT TTTCTTTAGA ATATGCTTGC	2880



ACAATTTTTT CTTCAATTATT AATAGATTCT ATAGCTTCTA CTACAAGTTG ACGCCAGTCA 3000  
 TCTTTATAAA TATCTTCATT TCTAGTAATT TCCCCAATTT GCTCGTCCAC ATCTATGTCC 3060  
 5 GATATATTGT TGAACAAATC CATTAAATCG TTCAATGCCT CAACAGTAAA ACTTTCCCTT 3120  
 TTAAGTGTAT AAGTTAAAAA TGTCCCATTA TTATCAGTTG AAATTAAAAAC TTCAGGTAAT 3180  
 ACAAAATGAT TTAGTCCAAA CTCTCGCCAT TCATCATCTG ATTTATGACT TGAAAATTGG 3240  
 10 AACCCCTCAA CAACTCGAAG ATGATGTTTC TCAGATTGCG GATGTATAAA TGTGATGTTA 3300  
 TGTTTTAATT TTTCCAGTC TTTAAAAATA GATTGTTTAT TTTTAGAATT ATTTTTGAAT 3360  
 AATTGAATTG CTTTGTAGCC AAAATATGAC GTTCGATTAT CATTCAAACG CATATAAAAG 3420  
 15 CGATCTCCTG CCTCATGTGC AGTGAGATGA AATAATGTGC TCGGGTCTAG TGAAGTGTAT 3480  
 AATTTCACTT CAACTGAAAC CCATTCCTTT GAGCTGCCAT ATATCTCTTT GACAATATCG 3540  
 20 TCCTCTAATA CGCCCGTAGC CATCCATTTT ACTTCTTTCT TCGTCTTTTT TCACTCATT 3600  
 TTATATTGTA TCATTTTTTG ATAATTGTGT TACAAGAATT GCTTAAACTT ATCTTGCAAT 3660  
 TTTTCACGTC AATTGACCTT TATGCTACTT TCTATTAAAA TATCTTTGTT ATAAAAAATA 3720  
 25 TGATTTAAAG AGGTTTTGTA TTCAATGAGT AATCAATATC AGCAATATTC TACAGTTAAG 3780  
 AAATATTGGC ATTTAATGCG TCCTCATACA TTAAGTGCTT CCGTAGTACC CGTTTTAGTT 3840  
 GGTACAGCAG CATCTAAAAT ATATTTTCTT GGTAGCGAAG ATCATATTAA AATCAGCCTA 3900  
 30 TTCATTGCCA TGTTACTAGC ATGCTTACTT ATTCAAGCAG CAACTAATAT GTTTAATGAA 3960  
 TACTATGATT ATAAAAAAG CCTCGATGAT CATGAATCTG TAGGCATTGG TGGTGCCATT 4020  
 GTTCGCAACG GTATGAGCCC AGAGCTTGTG CTACGATTAG CCATTGCATT TTACATCTTA 4080  
 35 GCAGCAATAT TAGGTTTGTT TTTAGCTGCT AACTCTTCAT TTTGGTTATT ACCAGTTGGA 4140  
 TTAGTATGTA TGGCTGTTGG TTACCTATAT ACAGGTGGCC CTTCCCTAT TTCATGGACG 4200  
 40 CCTTTCGGTG AATTATTCTC AGGCGTATTT ATGGGTATGT TTATTATCGT TATTGCATTC 4260  
 TTTATTCAA CTGGCAATAT TCAAAGTTAT GTAATTGGT TAAGTGTACC TATAGTAATC 4320  
 ACTATCGG 4328

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 280:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1450 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

GTTCAATACA GAAAAAATAA ATTTAGATGT TGAAGCATCC TACAATTAAT ACAGATCCAT 60  
 TTCAATATAT TTAAACTAAA ATCTCGGGAT TTCTAAATTT TGAAATTTTCG AGGTTTTnAT 120  
 5 ATTTTTATTT AAAATAGCAC ATTTATACTT TATAATAGTA AAGATGAACA TATAAGGAGG 180  
 CCAAATCATG GCAAAACATC CATTGGAACA ATTTAATCTA GAATCTAGTT TAATTGACGC 240  
 TGTGAAAGAC CTTAATTTTG AAAAACCAAC TGAAATTCAG AATCGAATTA TTCCAAGAAT 300  
 10 ACTAAAGAGA ACAAATTTAA TTGGTCAATC TCAAACGGGT ACAGGGAAAT CTCATGCATT 360  
 TTTATTACCA TTAATGCAGT TAATTGATAG TGAAATAAAA GAACCACAAG CAATCGTAGT 420  
 15 TGCACCAACA AGAGAACTTG CACAACAACT ATACGATGCA GCGAACCATT TAAGCCAATT 480  
 TAAAGCTGGT GTTTCAGTTA AAGTTTTTAT TGGTGGTACA GATATAGAGA AAGATAGACA 540  
 ACGTTGTAAT GCACAACCAC AATTGATTAT AGGCACCCCT ACTAGAATTA ATGACTTAGC 600  
 20 TAAAACGGGA CATTTACATG TGCACTTAGC ATCATATTTA GTTATTGATG AAGCGGATCT 660  
 TATGATTGAC TTAGGATTAA TTGAAGATGT AGATTACATT GCTGCAAGAT TGGAAGATAA 720  
 TGCAAATATT GCGGTGTTTA GTGCTACAAT CCCACAACAG TTACAACCAT TTTTAAATAA 780  
 25 ATATTTAAGT CATCCAGAAT ATGTAGCTGT CGACAGTAAA AAACAAAATA AAAAGAACAT 840  
 CGAATTCTAT TTAATACCTA CTAAAGGTGC AGCTAAAGTT GAAAAGACTT TAAATTTAAT 900  
 TGATATACTA AATCCATACT TATGTATTAT TTTCTGTAAT AGTAGAGATA ATGCAAATGA 960  
 30 TTTAGCACGT TCACTAAATG AAGCTGGTAT TAAAGTTGGT ATGATTTCATG GTGGCTTAAC 1020  
 GCCaCGTgAA CGTAAACAAC AAATGarACG TATACGTAAT TTagAATTCC aATACGTTAT 1080  
 35 TGCCaGCGAT TTAGCATCTC GTGGTATTGA TATTGAAGGT GTTAGTCrTG TCATCaATTT 1140  
 TGATGTGCCA AATGATATTG ACTTCTTTAC GCATAGAGTC GGACGAAC TGCGTGGGAA 1200  
 TTATTrAGGT GTAGCAATTA CGCTTTATAG TCCTGATGAA GAACACAATA TTTCATTAAT 1260  
 40 AGAAGATCGC GGTTTTGAT TCAATACTGT TGATATTAAA GATGGTGAGT TAAAAGAAGT 1320  
 TAAAGCGCAC AATCAGCGTC AAGCAAGAAT GCGCAAAGAT GACCATTAA CTAATCAAGT 1380  
 GAAGAACAAA GTTCGAAGTA AAATTAAAAA CAAAGTTAAA CCAGGTTATA AGAAGAAATT 1440  
 45 TAAACAAGAA 1450

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 281:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1139 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 281:

5 AGTCAGGTAT ATCATGCCaT yCTGAATTGG TCGATATTAA TATCAGTGGT GTTAAAGAAC 60  
 GAATTGTATA CCAATAGACG CTTTATATTG TAAAATAGTA TTAAATGCaG AATAGAGAGG 120  
 AGATTTAATG CGATATGACA AATTATAAAG TTGTCGTTTT AGATATGGAT GACACATTGC 180  
 10 TAAATTCAGA TAATGTGATA TCAGAAGAAA CTGCAAATTA TTAAACAGCA ATTCAAGATG 240  
 AAGGTTATTA TGTTGTTCTA GCATCTGGTA GACCTACTGA AGGTATGATT CCAACTGCTA 300  
 GAGATTTAAA ATTACCTGAA CATCATAGCT ATATTATTAG TTATAACGGT AGTAAAACGA 360  
 15 TTAACATGAC TAATGAAGAA GTAGAAGTAA GTAAATCGAT TGGTAAGCAA GATTTTCGATG 420  
 AAATTGTAGA TTATTGTCGA GATAGAGGCT TTTTCGTTCT TACATATCAT GATGGTCAAA 480  
 TTATTTaCGA CAGCGAACAT GAGTATATGA ATATTGAAGC AGAATTAACA GGTTTACCGA 540  
 20 TGAAACGTGT TGATGATATC AAAGCGTATA TTCAAGGCGA TGTACCCAAG GTCATGGGTG 600  
 TAGATTATGT AGCGAATATT ACAGAAGCTA GAATTGATTT GAATGGTGTG TTCAATGATA 660  
 ATGTAGATGC TACGACAAGT AAGCCATTCT TCTTAGAATT TATGGCCAAA GACGTTTCAA 720  
 25 AAGGTAATGC AATTAAAGCG TTATGTCACA AATTGGGATA TTCGGTGGAT CAAGTCATTG 780  
 CTTTTGGTGA TAGTATGAAT GATAAATCAA TGTTTGAAGT CGCAGGTCTA GCTATTGCTA 840  
 TGGGGAaTGC ATCAGATGAA CTTAAGCAAT ATGCAAATGA AGTTACGTTG GATCATAATG 900  
 30 AAAATGGTAT TCCACATGCG CTCAAAAAAT TGTTATAAAT TTTAAATAA GCCTTAACAC 960  
 ATGATATTTG AATAAGATAT CTTGTGGTTA AGGCTTTTTA TTTTGTGAA AATGACTTCA 1020  
 35 GTTATACTAT GGAGGATTG AAATACATAT TTTAGATTAG TAATGATATC AAACGAATAG 1080  
 AGTAAATGTA TATTTttTGA ATAAATCAAG TATTAAGTAG TCACGGAAGG nAGATAAAT 1139

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 282:

40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 282:

50 TCTAAAAATG CTGTGAAATT CTTTATAAA TATCTAAAAG GAATTAATGT TGATAACATT 60  
 GCTGTGATAG GAAGTAAGAC AGCGCAATAT TGTGAATCAC TTGGCATTG AGTTGATTTT 120  
 AtGCCAAACG ACTTTTCTCA AGAAGGATTT TTAATCAAT TTAATCAAAC TAACCAAAAA 180

55

	AATGAAGTTG TTAAAATAGA TTTATATACT TCAGTGCCTA ACAAACAAA TATACAAGAT	300
	GTAAAGAAA TGATAGAACA TCAACAAATC GATGCATTAA CATTTTCAAG TTCGTCGGCA	360
5	GTACGTTATT ATTTTAATGA AGGATTGTGA CCAAAATTCA AGTCGTATTT TGCTATTGGA	420
	GAACAAACAG CACGGACCAT TAAATCATAT CAACAACCAG TAACAATTGC AGAAATTCAA	480
	ACACTCGAAT CACTAATTGA AAAGATTTTA GAAAGTAGGG GCTAAAAATG AAATTTGATA	540
10	GACATAGAAG ATTGAGATCA TCAGCGACAA TGAGAGATAT GGTTAGAGAG AATCATGTAA	600
	GAAAAGAAGA TTTAATATAT CCAATTTTGT TAGTTGAAAA AGACGATGTG AAAAAAGAAA	660
	TTAAGTCATT GCCAGGTGTA TACCAAATCA GTTTGAATTT ACTTGAAAGT GAATTAAAG	720
15	AAGCTTATGA CTTAGGCATA CGTGCCATTA TGTTTTTCGG TGTTCCAAAC TCAAAaGATG	780
	ATATAGGTAC TGGTGCATAC ATTCACGATG GTGTTATTCA ACAGGCAACA CGTATTGCTA	840
20	AAAAATGTA TGATGACTTA TTAATTGTTG CAGACACTTG TTTATGTGAA TATACTGATC	900
	ATGGTCATTG TGGCGTGATT GATGACCATA CACATGACGT TGACAATGAT AAATCATTGC	960
	CACTACTTGT TAAACAGCA ATTTCTCAAG TGGAAGCTGG TGCTGATATT ATTGCGCCAA	1020
25	GTAATATGAT GGATGGTTTT GTTGCTGAAA TTCGTCGTGG ATTAGATGAA GCCGGCTATT	1080
	ACAATATTCC TATAATGAGT TATGGTGTCa AGTATGCATC AAGTTTCTTT GGACCTTTTA	1140
	GAGATGCAGC AGATTCAGCG CCATCATTTG GGGATAGAAA AACGTATCAG ATGGACCCTG	1200
30	CTAACCGTTT GGAAGCACTT CGTGAATTAG AAAGTGATCT TAAAGAAGGG TCGCATGA	1260
	TGATTGTTAA ACCTGCTCTA AGTTATTTAG ATATAGTTTCG AGATGTTAAA AATCATACGA	1320
	ATGTTCCAGT TGTTGCATAT AATGTGAGTG GAGAATATAG TATGACTAAA GCAGCGGCAC	1380
35	AAAATGGTTG GATAGATGAA GAACGTGTCG TTATGGAACA AATGGTTTCA ATGAAACGTG	1440
	CAGGTGCTGA TATGATTATT ACGTATTTTG CAAAGGACAT TTGTCGCTAT TTAGATAAAT	1500
40	AAGGTTTTAT ATTTATGATT TTCCATAAAC TGTAGGAGGA ATTTACTTTA TGAGATATAC	1560
	GAAATCAGAA GAAGCAATGa AGGTTGCTGA AACTTTAATG CCTGGTGGTG TAAATAGTCC	1620
	AGTACGCGCA TTAAATCAG TAGATACACC AGCAATTTTT ATGGATCACG GTAAAGGTTc	1680
45	AAAAATTTAT GATATCGATG GTAACGAGTA TATCGACTAT GTACTAAGTT GGGGACCACT	1740
	TATTTTAGGA CATAGAGACC CTCAAGTTAT TAGTCATTTA CATGAAGCAA TTGATAAAGG	1800
	TACAAGTTTT GGTGCATCAA CATTACTTGA AAATAAATTG GCGCagcTCG TTATTGACCG	1860
50	AGTACCTTCA ATAGAAAAAG TGCGTATGGT GTCATCTGGT ACAGAAGCTA CATTTGGATAC	1920
	TTTAAGATTA GCACGTGGTT ATACTGGCAG AAATAAAATT GTGAAATTTG AAGGTTGCTA	1980

55

	GCCGGATTCT	CCTGGTGTGC	CTGAAGGTAT	TGCTAAAAAT	ACAATTACAG	TTCCATACAA	2100
	TGATTTAGAT	GCACTTAAAA	TCGCTTTCGA	AAAATTTGGa	AACGATATTG	CTGGTGTAAT	2160
5	CGTAGAACCT	GTTGCTGGTA	ATATGGGTGT	CGTACGCCCG	ATTGAAGGTT	TTTACAGGG	2220
	ATTAAGAGAT	ATTACGACTG	AATACGGCGC	ATTGCTAATT	TTCGATGAAG	TAATGACTGG	2280
	TTTCAGAGTC	GGTTATCATT	GTGCACAAGG	TTACTTTGGT	GTGACACCAG	ATTTAACTTG	2340
10	CTTAGGAAAA	GTTATCGGTG	GAGGACTACC	TGTAGGTGCA	TTTGGTGGTA	AAAAAGAAAT	2400
	CATGGATCAT	ATAGCACCAT	TAGGAAATAT	TTATCAAGCG	GGTACGTTAT	CAGGAAATCC	2460
15	TCTTGCAATG	ACAAGTGGTT	ATGAAACGTT	AAGCCAATTA	ACGCCAGAGA	CATATGAGTA	2520
	TTTTAATATG	TTAGGCGATA	TACTTGAAGA	CGGTTTAAAA	CGTGTATTTG	CTAAACACAA	2580
	TGTACCAATA	ACTGTAAATA	GAGCAGGTTT	AATGATTGGT	TATTTCTTAA	ATGAAGGACC	2640
20	TGTAACATAAT	TTTGAACAAG	CGAATAAAAAG	TGATTTGAAA	TTATTTGCAG	AAATGTATCG	2700
	AGAAATGGCA	AAAGAAGGTG	TGTTTTTACC	ACCATCTCAA	TTTGAAGGTA	CATTCTTATC	2760
	TACGGCACAC	ACGAAAGAAG	ATATTGAAAA	AACGATTCAA	GCATTTGATA	CGGCTTTAAG	2820
25	TCGTATTGTA	AAATAAATAT	ACGGACAAAT	TGAGAGCCTG	AACTTTGTTC	AGGCTCnTTT	2880
	TAAATGTATA	TAAGGCATGG	GCGGCGACTT	GATAGTGAAA	GTCCACTACT	A	2931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 283:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1421 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 283:

40	AATTATGAAT	GCATTACCAG	TATTATTACA	AAAGAACAAT	TAAAAATGTT	TGTTTATGAT	60
	TATGATACGC	ATCTCATTAA	AAATGTAAaTG	GTTGCAGCAG	ACGTGTTAAA	GGCAAATGAT	120
	ATTCAAGGAC	ATGAACCATT	AATCGTTAAC	CTTCAAACGA	TTGATGAAAC	ATTACATCGT	180
45	TTACCTATGC	ATAATAGAAA	AGACATGATG	GTTAATGGCG	GTGTACTTAT	GGCACATTTA	240
	AATGCCAAAA	GTGGTCCGTG	GTAAAAGAT	GTGCTAAGAC	AAATTGAGAT	AGCGATTGTA	300
50	ACAGGTAAAG	TAAGCAACGA	AGAAACTGAA	ATTTTGAAAT	GGGTGGATAA	TCATGTCAAA	360
	ATATAGTCAA	GATGTACTTC	AATTACTCTA	TAAAAATAAA	CCGAATTATA	TATCTGGACA	420
	AAGCATTGCG	GAATCACTTA	ATATTTACAG	CACTGCAGTA	AAAAAAGTGA	TTGACCAATT	480

CCCAGATATT TGGTATCAAG GTATAATAGA CCAATATACA AAAAGTTCTG CTTTGTTTGA 600  
 TTTTAGTGAA GTATACGATT CAATAGATTC TACACAACCT GCTGCGAAAA AGTCACTTGT 660  
 5 TGGAAATCAA TCTTCATTTT TTATCTTGAG TGATGAACAA ACGAAAGGTC GTGGGCGATT 720  
 TAATAGACAT TGGAGTTCTT CAAAAGGGCA AGGACTTTGG ATGTCTGTCTG TGTTAAGACC 780  
 10 TAACGTTGCA TTCTCAATGA TATCTAAATT TAATTTATTT ATTGCATTAG GGATAAGAGA 840  
 TGCATTCAA CATTTTAGTC AAGATGAAGT CAAAGTGAAA TGGCCGAATG ATATATTTAT 900  
 TGATAATGGT AAAGTGTGTG GTTCTTAAC TGAAATGGT GCTAATAATG ATGGTATAGA 960  
 15 AGCAATAATA TGTGGTATAG GTATTAATTT GACGCAACAA CTAGAAAACCT TTGATGAAAAG 1020  
 TATTAGACAT AGAGCAACAA GTATACAATT ACATGATAAA AATAAATTAG ATAGATATCA 1080  
 ATTTTATAGAG ATATTACTTC AAGAAATTGA AAAAAGATAT AATCAATTTT TAACGTTACC 1140  
 20 TTTTCTGAA ATTCGTGAAG AATATACTGC AGCTTCTAAT ATTTGGAATA GAACGTTGCT 1200  
 ATTTACAGAA AATGATAAAC AGTTTAAAGG ACAAGCAATT GATTTAGATT ACGATGGCTA 1260  
 TCTAATTGTT AGAGATGAAG CGGGTGAATC ACACCGTTTA ATTAGTGCAG ATATAGATTT 1320  
 25 TTAACACTAA AGCAAGGAGA GATAGCTATG GGTATGGCAA CCTATGCCGT TGTGGATTTG 1380  
 GAAACAACAG GCAACCAATT AGATTTTGAC GATATCATTC A 1421

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 284:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2202 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 284:

CCAAGTTGCC TAAATGATT AAGCAAGGTT TATACCCTAT GCAACGATT GAACAAGAAT 60  
 CTGGAGCCAT CCGACTGCCA ACGATTTCTA GAGTGAGCG TTCATTACAA TGGGGTAATG 120  
 45 ATGCTTATAC AATGATTTTA GATCGTATGA ATATTGAAAC AAATGAATAA TAAATGAACG 180  
 ATAAACAATG GTTATCTATC TGCACATAA AGGTAGATAA TCATTGTTTT TTCACGAAAA 240  
 AATTTACAGA GTAAAAGAAC TTAAATTTCA TATTAAGTCT TTAGAACTCG ACACTTAAAA 300  
 50 ATGCTATAAT CATATGTATG TTAAAAAAGG AGTTTCGGAA AATGTATGAC ATTAAAAAAT 360  
 GGCGCCATAT TTTTAAATTA GACCCAGCTA AACATATTTT AGATGATGAT TTAGATGCCA 420  
 TTTGTATGTC TCAAACAGAT GCAATTATGA TTGGTGGAAC TGATGACGTT ACTGAAGATA 480

EP 0 786 519 A2

	CAAACATCGA AAGTGTAAATG CCTGGTTTTG ATTtTTATTT TGTACCTACA GTACTGAACA	600
	GTACAGATGT TGTATTTTAC AATGGTACAT TATTAGAAGC GCTTAAAACA TATGGACATA	660
5	GTATAGATTT TGAGGAAGTA ATATTTGAAG GGTATGTCGT GTGCAATGCT GATAGCAAAG	720
	TGGCAAACA TACCAAAGCA AATACAGATT TAACAACAGA AGATTTAGAA GCATATGCCC	780
10	AAATGGTCAA TCATATGTAT CGATTACCGG TTATGTATAT AGAGTATAGT GGCATTTATG	840
	GCGACGTATC AAAGGTTCAA GCTGTCTCAG AACATCTAAC AGAAACGCAA CTTTTTTATG	900
	GTGGCGGTAT TTCCTCAGAA CAACAAGCGA CAGAGATGGC AGCTATTGCA GATACAATTA	960
15	TCGTCGGTGA TATTATTTAT AAAGATATTA AAAAGCTTT AAAACAGTA AAAATAAAGG	1020
	AGTCTAGTAA ATGAATGCGT TATTAAATCA TATGAATACA GAGCAAAGTG AAGCTGTAAA	1080
	GACAACAGAA GGACCATTGT TAATTATGGC AGGTGCTGGT TCAGGGAAGA CACGTGTTTT	1140
20	AACACATAGA ATTGCTTATT TATTAGACGA AAAAGATGTC TCACCATACA ATGTTTTGGC	1200
	TATTACTTTT ACAAATAAAG CTGCAAGAGA AATGAAAGAA CGTGTTCAA AATTAGTAGG	1260
25	TGATCAAGCA GAAGTTATTT GGATGTCAAC ATTCCACTCA ATGTGTGTTC GTATTTTACG	1320
	TCGTGATGCA GATCGAATTG GTATAGAACG CAATTTTACG ATAATTGATC CTACAGACCA	1380
	AAAATCTGTT ATTAAAGACG TCTTAAAAAA TGAAATATT GATAGTAAAA AGTTTGAACC	1440
30	TCGTATGTTT ATCGGTGCGA TCAGTAATTT GAAAAATGAA CTTAAAACAC CTGCAGATGC	1500
	TCAAAAAGAA GCCACAGATT aTCACTCgca AwTGGTaGCA ACgGTTTaTA GTgGATATCA	1560
	ACGCCAATTG TCACGTAATG AAGCGTTAGA TTTTGATGAC CTTATTATGA CAACGATTAA	1620
35	CTTATTTGAG CGTGTACCAG AAGTTCTAGA ATATTATCAG AACAAATTCC AATATATTCA	1680
	TGTAGATGAG TATCAAGATA CTAATAAAGC ACAATACACA TTAGTTAAAT TATTAGCAAG	1740
40	TAAGTTTAAA AACTTATGTG TTGTAGGTGA CTCAGATCAG TCAATTTATG GTTGGCGTGG	1800
	TGCTGATATT CAAAATATCT TATCATTTGA AAAAGACTAT CCAGAAGCGA ATACAATCTT	1860
	TTTAGAGCAA AATTATCGTT CGACGAAAAC GATTTTAAAT GCGGCTAACG AAGTGTTTAA	1920
45	AAATAATTCT GAACGTAAGC CAAAAGGACT GTGGACTGCA AATACGAATG GTGAGAAAAT	1980
	TCATTACTAT GAAGCAATGA CGGAACtGAT GAAGCGGAAT TTGTAATACG AGAAATTATG	2040
	AAGCATCAAC GTAATGGTAA GAAATATCAA GATATGGCAA TTTTATATAG AACGAATGCA	2100
50	CAATCACGTG TACTTGAGGA AACATTCATG AAATCTAATA TGCCATACAC AATGGTTGGT	2160
	GGCCAAAAGT TCTATGACCG TAAAGnAATC CAAAGATTTA TT	2202

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 285:

55

- (A) LENGTH: 785 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 285:

AGTGGTGCAA AGATAGGCAT TGATaATACC GCTAAGCCAG cAAGATGATG GCACGATAAA 60  
 ACCTAAACAG AAGAAmATAA ATAGTAATAC GATGATAAAT AATGGTCCAC TCATATGTTG 120  
 AACTAAAGAT GATGAAAAGT GTAAGATTGT ATCTGAAATC ATACCTTCAT TCAACACTAA 180  
 ATTAATACCT CGAGCTAAAC CAATAATTAA AGATACACCT ACTAAACTTG ATGCACCATT 240  
 GACAAATGCA TCTACAGTTC CTTTTTCTCC CAATCCAGAT TTACCTGTCC CAGCAATAAA 300  
 CATTATTATA ATTGTAAATA TTAAAAATGC TGAAGCCATA ACTGGGAACC ACCAACCTTG 360  
 CGTCATAACT CCCCATACCA TAATTGGAAA TGGTAGTACA AATAATGTAA GGATTATCTT 420  
 CTTACGCAAA GTAAAATGGG CACTATCGTC ATCTTTTAAT ACAGACCATT GCTGTTCAAA 480  
 AGCATCTTTG TCTTCATAAG AATATGACGC TTTAGGATCG TTTTAAATTT TTTTACAGTA 540  
 CCAATATAAA TAACTAATAA CAAAAATCGC ACCGACAATA CAAGCACCTA TTCTCCAATA 600  
 CAAGCCATCC GTAAAAGTTG TACCAGCGGC ATTAGAGGCA ATTACAACCG AGAACGGGTT 660  
 AATAGTTGAA AATGTACTAC CGACAGAGCT GGcAAGGAAT ATGGCACCAA CTGGAAACGA 720  
 TAGAATCGTA TCCTAACGCT AATAAATATA GGGACTAAAA TCGGATAAAA TGCTACAGCT 780  
 TCTTC 785

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 286:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 812 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 286:

CTAACGnGAT AAGGTTGCAA nTTTATCTGA ACATCTGATG ACTGTAATTT TGtLAATGAT 60  
 AAAATATTTG TACTAATAG ATATAAATAC TGACTTTCTT GAAAACTATG TACAAGTAAT 120  
 TGTTCCTTTT CTATGATAGA CATATCTTTA CTATGTGATA CTAAAATATC TAAATkTCCC 180  
 ATAATTGTTG TTAACGGTGT ACGTATGTCA TGCGAAATTG ATCTTAAAAA ATTTGAATGT 240  
 GTCAGTTGAC GTTCAGCCTG TAACATGGAT TCTCTCGTTT GTTTAAGTAA CGTCACATTT 300

EP 0 786 519 A2

	ATCACTTGAG AACTTTGGTA ATCAATGGCT AGAATGCCTT TAATCGGAGA TGTGCCAATT	420
	GGTATCAACC ATTTATTAAT GCCTGGAAAT GTATCTGTTG TTGCACCAGC TTGTCTTTCA	480
5	TTTTTAATTA CCCAGCTTAA TGCTTGTTCA TGCTGTTGAG TCGTATTATC GATATGGTTT	540
	TGCAATGGTA TTGTTTTAAT TACTTTCGAT TGATTGATAA CGTATATAGT AATTGATTGT	600
	TGCAATAATT GATTAATTTG GTATCCAGCA TTTATTAGTA AGTTTTCAAC TGTATAAGTT	660
10	TGTTTAATCG AATCATTAAA TTGAAATAAT AAATCTGTAC GATAAAGTTG CTTTTTAGTA	720
	ATGGaGTAWT GGAATTTAAT TTGThTTAAT AAAGCACTCG TTAATAACT TGTnAAAAATG	780
15	CTAACGATAA ATGTAATAGG ATAGTCAAAG CG	812

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 287:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1732 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 287:

	ATnnATTATT ATTACTGCTA TTTTAAATTT TAAAAAATGC TTTTGATTAT ATTCAACanT	60
	TTGTATAAAA TTAAATTTGC TTTTGATTAA AGCATGAAAA TTGTAATCAA ACCATAAATT	120
30	GTCGTATGAT GTAGTTAGAA TTTTAAAATG CAGGAGGTCa AGTATATGAC TGAAATaACA	180
	TTCAAAGGTG GACCAATCCA CTTAAAAGGT CAACAAATTA ATGAAGGTGA TTTTGCACCT	240
35	GATTTTACAG TGTTAGATAA TGACTTAAAT CAAGTAACAT TAGCAGATTA TGCTGGTAAA	300
	AAGAAATTAA TTAgtTGTGGT ACCATCAATT GATACAGGTG TTTGTGATCA GCAGACTCGC	360
	AAATtCAACT CTGATGCTTC TAAAGAAGAG GGGATTGTGC TTACAATTTc AGCAGACTTA	420
40	CCATTGCGAC AAAAAAGATG GTGCGCTTCA GCAGGTTTAG ACAATGTCAT TACATTAAGT	480
	GACCACCGTG ACTTATCATT TGGTGAAAAC TATGGCGTTG TTATGGAAGA ACTTCGCTTA	540
	TTAGCTCGTG CAGTATTTGT ATTAGATGCA GATAATAAAG TTGTTTATAA AGAAATCGTT	600
45	AGTGAAGGTA CTGATTTCCC AGATTTTGTG GCTGCTTTAG CTGCATACAA AAATATTTAA	660
	TCATTAAAGA GATAAATCTT AAAATGTATA CATCGTGTCC ATCGTTGTCA ACAGCATTAA	720
	AATAGAATTG TTTTCTATGA TTGCTAAGAC CTATGGGCAC TTTTATTGG AGAGGGACGA	780
50	ATATGGCAGA ACAACAAACA ATTATGGAAC GCTTGTTTCA TACATTAGAT GAAAAAGCTA	840
	AAACATTAAA TAATGAAAT GGCCaAAGTT TTATTGAAAA TCTTGGGCTA GCAATGGAAC	900

CATTCCAATT TGCATATTTA AGTTTAATGC aGGAAGAAAA GATAcAAGCA AATCATCAAA 1020  
 TTACACCAGA TTCAATTGGA TTGATACTAG GATTTTTAGT TGAGCGTTTT ATGAACAACC 1080  
 5 AAGAAGAATT ACATATTGTT GATATTGCAA GTGGTGCCGG TCATTTAAGT GCTACTGTAA 1140  
 AAGAAGTGTT ACCTGraAtT GcGGTTATGc ATcATTTaAT TGaAGTTGAt CCAGTTTTAT 1200  
 CACGTGTTAG TGTACATTTA GCAAACCTTCT TAGAAATTCC TTTCGATGTG TATCCTCAAG 1260  
 10 ATGCCATCAT GCCACTACCA TTAGAAGAAG CAGATATCGT TATTGGTGAT TTTCCAGTAG 1320  
 GCTATTATCC AATTGATGAA AGAAGTAAGG AGTTTAAGCT AGGTTTTGAA GAAGGACATA 1380  
 15 GTTATTCAACA TTATTTATTA ATAGAACAAG CAATAAATGC ATTAAAAGAT GCTGGATATG 1440  
 CCTTTCTAGT GGTACCAAGT AATATTTTTA CAGGTGAACA TGTAAAACAG CTTGAAAAAT 1500  
 ATATTGCAAC AGAGACAGAG ATGCAAGCAT TTTTAAATTT ACCACCAACT TTATTTAAAA 1560  
 20 ATGAAAAAGC GCGAAAATCT ATATTAATTT TACAAAAGAA AAAATCGGGT GaAACAAAGC 1620  
 CAGTTGAAGT ATTATTGGCA AATATTCCTg ATTTcAAAA TTCCTTCACC AATTTCCAAG 1680  
 GATTTATGGA CAGAGTTAAA ATCCAGTGGG ATGGGACCAC CAAATCGTCC TA 1732

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 288:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2779 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 288:

AAAAGAACTA GCTAAACGCA AGCAAGAAGC TATTAGTAGA ATTAAAGACT TTTCAAATGA 60  
 AAAAATAAAT AGTATTCGAA ATAGTGAAAT TGGCACAGCT GATGAAAAAC AAGCAGCAAT 120  
 40 GAATCAAATT AACGAAATTG TGCTTGAAAC AATTAGAGAT ATTAATAATG CGCATACATT 180  
 ACAGCAAGTT GAGGCTGCAT TGAACAATGG TATTGCTCGA ATTCAGCAG TACAAATTGT 240  
 AACATCTGAT CGTGCTAAAC AATCGTCAAG TACTGGAAAT GAATCTAATA GCCATTTAAC 300  
 45 AATTGGTTAT GGAAGTCAA ATCATCCATT TAACAGTTCG ACTATTGGAC ATAAAAAGAA 360  
 ACTTGATGAA GATGATGACA TTGATCCACT TCATATGCGT CACTTTAGTA ATAATTTCCG 420  
 TAATGTTATT AAAAACGCTA TTGGTGTGGT GGGTATCTCT GGTTTACTAG CTAGTTTCTG 480  
 50 GTTCTTCATT GCCAAACGTC GTCGTAAAGA AGATGAAGAG GAAGAATTAG AAATAAGAGA 540  
 TAATAATAAA GATTCAATAA AAGAGACTTT AGACGATACA AAACATTTAC CACTTTTATT 600



	AAATAATGGC GAGTCACTCG ATAAAGTTAA ACATACGCCG TTCTTCTTAC CAAAACGTCG	720
	TCGTAAAGAA GATGAAGAAG ATGTGGAAGT TACAAATGAA AACACAGATG AAAAAGTGTT	780
5	GAAAGATAAC GAACATTAC CACTCTTATT CGCAAAACGA CGCAAAGATA AAGAGGAAGA	840
	TGTTGAAACA ACAACTAGTA TTGAATCTAA AGATGAGGAC GTTCCTTTAT TATTGGCTAA	900
	AAAGAAAAAT CAAAAAGATA ACCAATCCAA AGACAAAAAG TCAGCATCAA AAAATACTTC	960
10	TAAAAAGGTA GCAGCTAAAA AGAAGAAAAA GAAAGCTAAG AAAAATAAAA AATAATTTGT	1020
	TTCTTTGATA AATAGaGGAG CACCGATTGA CATCACATCA GTCGGTGCTC CTTTATTTTA	1080
	TTCTTTTTTAA TTAATTTATA CAATGCCTGT TGAGCGTGTT GATTGCTTC TTTGTTTTGT	1140
15	TCTCTCGGTA TCCATTTAAC AAATAATAAA TCAAAATCTT TTTCAAATAT TTCTATTTGA	1200
	TCAAAATAAG GTTTGAAATT TGCCTTTTTT ACATAACCAG CTTCAATGCT ATCTGCAATT	1260
20	AGCTTTGAGT CTGTATATAA TAGTGCCTTT TGAACATTTA ATTCACGTGC ATGTTCTAGT	1320
	GCATAAATAC ATGCAGCCCA TTCTGCAGTG TGGTTATCCA TTTCGCCTAA CTCATGTGTA	1380
	TATGTATAAT GCTGCTCATC TTCTTTGATT ACAATGGCAC ATGTACTTAT GCCTGGATTT	1440
25	cCTTTCGTCG CAGCATCAAA ATTTATTTTC GCCATAATAA ACCTACTTTC TATTCAATAC	1500
	TTAGTTAAAG TTAATATTAC TGTAATACAA AATATGTTGG GTAATCCATT AAAAAACACG	1560
	CATCACTTAA ATAAGTAACA CGTGTTTAAA ATACTCGCTG ATTCAAAGAT GATTTTCTAA	1620
30	TACGTaACT GTaATATACT TCCTAAAAAA ATCATCTTCA GGCTGGGACA TAAATCAATG	1680
	TTCTATGCTC TACGATGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGA ACGAAAATGC GCTTGTAACA	1740
	AGCTTTTTTC AATTCTAGTC AGGGGCCCA ACACAGAGAA TTTCGAAAAG AAATTCTACA	1800
35	GGCAATGCGA GTTGGGGTGT GGGTCCCAAC ACAGAAGATG ACGAAAAGTC AGCTTACAAT	1860
	AATGTGCaAG TTTGGGATGG GCCCAACAA AGAGAAATTG GATTCCCAAT TTCTACAGAC	1920
40	AATGCAAGTT GGGGTGGGAC GACGAAATAA ATTTTGGGAA AATATTATTT CTGTCCCACT	1980
	CCCTTAAAC TTATTCTTTT GTGTAGTAAG TGCCTTAATA GCCTTGATCT AACTTATCAA	2040
	TCTTACCTTT ACGATAAAAT GATTTAGCAA TATATCCAAA TGGTACATTG AAAACTGTTG	2100
45	AAGCTAATTT TAATACGTAC GTTGTAATAA ATATTTCAAA TACAaMTGta CCAGGTAAAC	2160
	TTCCGATAAA TGCGATAGCT ACAAATAAAG CTGTATCAAT TATTGGrGCTT AAAAATGTAC	2220
	TACCATATGg CACGGATGAA AAACGTTTTa TCmGaACTAA ATACTTTTTT AATTAGTGAA	2280
50	AAGATAAATA CATCAATATG TTGACCAATA ATATATGCGA CGATTGAGCC TAAAGCAATG	2340
	CGTGGCACAA CATCAAAGAT TGCCTGTAAT GCTTTTTTGTG CCATATCTTC TGGTGCAGGA	2400

55

	CAAACTGCTC TTTTTCGAAC TCTACGCCCA TAAATATCGT TTAATATATC TGTTGCTAAA	2520
	TAAATAGAAG CAAACATGAC ATTACCTAAA GTTGCTGAAA TACCAAAGAT TTCTACAGTT	2580
5	TTAATCACTT GTATGTTGGC AATGATTGTG CCAATTGCAA CCCATGCAAT TAAACCTTGT	2640
	TTACCAAAAA AGCGATACAT AAGTACCATA AGCACGAACG TTGCAATAAA CGTAACTAGT	2700
	CCTAAAATTT CATTATACAT ATTAATAATGT CCTCCTAAAT TTTGATCATG CGGGTGTTTA	2760
10	GAAACCGCTC AATAAATAA	2779

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 289:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1999 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 289:

	ACTGATGTGC GTTCATCAAA AACAAATATAA TCAAATTCAT TTTCATCAAA TTGCTTAAAA	60
25	TTATCATCTC TAGATAATGT TTGAATGGTT GCAAATAAAT ATTTGGCATC GACATCTCTA	120
	TGTTTTCTTG TCAACAATCC AAAATCACTA TCATTTTTTA TAGGTAATAC TTTTTTAAAT	180
	TCTTCCTTAG CTCTATTTAA AATCCCCTCA TTATGAACAA TAAATAAAAA TTTATTAGGG	240
30	TTTACTTCTC TAACATCTAA TGCACATAAA ATCGTTTTAC CTGTACCAGT TGCAGATATT	300
	ATTAACGCCT TATCTTTGGC TTTATCCCTA ATAGCTTTTA ATGACCTTAA TGCTTCTGCT	360
35	TGCATTAAAT TGGGTACAAT TTCCACTGAT TTTTTCACCT TATCAGCTAG CAGCATTGTA	420
	GTTTGTTCAA CCTCCGCTAA TTTTCTAAG GAACGGTACT CAAATGATTC TTTATATGAA	480
	TTAATCCATT GCTCAGTCAG TGGGGTACTC TTTTGCCATA ACAAGTCAAA TTCACTTTTT	540
40	ACACTATCAA CTAAATCGCC ATTTTTCATA GTAGACAGTA AAACATTATG CTCATAATTA	600
	ACCTTTAACG CATTAGATGT TAAATTAGAG CTTCTTATTA CCATAGAACT ATAATCCTTA	660
	TGCTCAAAAA TATATCCTTT GGCATGGAAT CCAGCAATAT CAGTTAATCT TACCTCTACA	720
45	TTTTTTAATT TAAGTAATTC TCCATACATT TTAGGACTAT TAAACCCTAA GTAATTAGAT	780
	GTTAATATTT TCCCTTTAAC ACCCTTATTG CTTAAATCTA ATAGTTGAGC CTTTAAGCTG	840
	GCTAAACCGC TTTCTGTTAT AAAAGCCACA GAAAAATAAA ACGTTTCACA TTTTGAAGT	900
50	TCATCTATAA TTGTTGAAAG AACTTTTICA TTTTATTAT TTAATAAAG CTTCGGTGTA	960
	TAATTCCTTT TATGAGAAAT ATGTTGTCT ATAAACCTT TATGTAAAGA TTGATTGAAA	1020

EP 0 786 519 A2

CGCTGGGGCC CAATTTAATT TATCAAGTTC GTTTATTGAC AACCATTCAA TACTCTTATG 1140  
TTCAGTTAGA GTTGGTAACT CTTTGTTTAA AGTACATTTG TATGTTGTTA ACCTAACAAT 1200  
5 TCCAAAATCA TATTCATGTT CTGTAGTTAT AACTTTGTCT CCAACAATTA AATCACATTT 1260  
CATTCTTCT CTAAATTTCTC TAATCAAAGC GTCTTTTTCA GTTTCATTCT TTTCAACCTT 1320  
ACnGCCAGGA AATTCACACA TTAAAGGCAG ACTCATTTTT TCACTTCTCT GTGCACAAAG 1380  
10 AATTTTGTTA TCAGAAAAAA TAATAGCTCC TACTACATTG ATTACTTTTT TCATAAGACT 1440  
CACCCTTCAA TTTAAAATCA TCTTAATTGT TATTCTATCA AAAATTACAA AACTATATAT 1500  
15 AAATCAATAT TAAAAATTAA TATTTTACAT TCACATGAAC GCTCTACTCC ATGCATTTTC 1560  
ATACACATCT ATTATATAAT ACTTGTGAAA AGTATTGTCT TGGGGCTGTG TTTTTTACT 1620  
TTTGGGGCGT ATTTCTTTAT AATTCATTAC ATAAATGTAA GGGCTTTAGT TTTTCATGTTT 1680  
20 TATTAAGTCT AACTGAGATT TTGAAAGGAT GTTTAGCAAC AATGGATAAA GAATTATGGA 1740  
TAGAACGAGc TAATGATAGT TTAGTTAAAC ATTTTTATGa GCAGCAATCT GACATTGAAC 1800  
AGCGAGAAGG TTTTGAAAGT AAATTAACAT TTGGTACTGC GGTATACGC GGAAAATTCG 1860  
25 GTCTTGGTGA AGGTCGACTT AATAAGTTTA CTATTGAAAA ATTGGCATTG GGTTTAGCGC 1920  
GTTATTTAAA TGCCCAAACA AACAGTCCAA CAATAGTCAT TCATTATGAT ATTAGACATC 1980  
TTTCcAACTG AATTCGCCC 1999

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 290:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 1933 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
35 (C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 290:

GATGACTTTT CCCCCTCATA ATCTTCATGG TCCAGGCGTC CATTAATGCG TCAAAGGATG 60  
GCACATTTTA CCTGGAACAA ATGATTCATA TGGTTCATAA AAATCACGCG TCGTAATATA 120  
45 ATCTTCTAAA TCAAATGCAT AGAAAATCAT TGGCTTTTTA AATACTGCAT ATTCATATAT 180  
TAAAGATGAA TAGTCACTAA TTAATAAATC TGTTATGAAC AGTATATCAT TAACTTCTCT 240  
AAAGTCAGAA ACGTCAACAA AATATTGTTT ATGTTTGTCT GCAATATTAA GTCTATTTTT 300  
50 CACAAATGGA TGCATTTTAA ATAATACAAC CGCGTTATTT TTTTCGCAAT ATCTTGCTAA 360  
ACGTTCAAAA TCAATTTTGA AAAATGGGTA ATGTGCTGTA CCATGACCAC TACCTCTAAA 420

TTGTTTGATC TGTGTCGCAT AAGCTTCATC AAATAGTACA TCAGTACGTG GAACACCTGT 540  
 AGGCACTACA TTTTCTCTT TAATACCAAA TGCTTCAGCG TAGAATGGAA TATCGGTTTC 600  
 5 AGATGATACA TAAGCTTTTG TATAGCTACG ATGATTAAAT GAATCAATAA ATGGTCCACC 660  
 CTTTTTACCA GTACGACTAA AGCCAACTGT TTTAAAGGCA CCAACGGCAT GCCATACTTG 720  
 AATAACTTCT TGAGAACGTC TAAAACGCAC TGTATAAATC AATGGGTGAA AGTCATCAAC 780  
 10 AAAGATGTAG TCTGCCTTCC CAAGTAAATA TGGCAATCTA AACTTGTCGA TGATGCCACG 840  
 TCTATCTGTA ATATTGCTT TAAAAACAGT GTGAATATCA TACTTTTTAT CTAAATTTTG 900  
 ACGTAACATT TCGTTATAGA TGTATTCAAA GTTCCAGAC ATCGTTGGTC TAGAGTCTGA 960  
 15 TGTGAACAAC ACCGTATTCC CTTTTTTCAA GTGGAAAAAT TTCGTCGTAT TAAATATCGC 1020  
 TTTAAAAATA AATTGTCTTG TATTAAATGA TTGTTTGGCG AAATACTTAC GTAATTCTTT 1080  
 20 ATATTTACGA ACGATATAAA TACTTTTAAAC TTCCGGAGTC GTTACAACAA CATCAAGGAC 1140  
 AAATTCATTA ACATCGCTAG AAATTTTCAGG TGTAACAGTA TAAACCGTTT TCTTCGAAAT 1200  
 GCCGCCTTTT CTAAATCTT TTAGGTAAGT CTGCAATAAG AAATTGATTT TACCATTTTG 1260  
 25 TGTCTCTAAT TCGTTGTATT CTTCTTCTG TTCTGGCTTT AGATTTTGAT ATGCATCATT 1320  
 AATCACATCT GGGTTTAACT GTGCAATATA ATCAAGTTCT TGCTCATTCA CTAATAAGTA 1380  
 CTTATCTTCA GGTAAGTAAT AACCATTATC TAAGATAGCT ACATTGAAAC GACAAACGAA 1440  
 30 TTGATTCCCA TCTATTTTGA CATCATTCGC CTTCAATTGA CGTGTCTCAG TTAAATTTCT 1500  
 TAATACAAA TTACTATCTT CTAAATCTAG GTTTTCACTA TGTCCTTCAA CGAATAACTG 1560  
 AACACGTTCC CAATAGATT TATCTATATA TATCTTACTT TTAACCAACG TTAATTCATC 1620  
 35 CTTTCTATT TACATAATCC ATTTTAATAC TGTTTTACCC CAAGATGTAG ACAGGTCTGC 1680  
 TTCAAAAGCT TCTGTAAGAT CATTAATTGT TGCAATTTCA AATTCTTGAC CTTTTAACAA 1740  
 40 CGCTAATTTA nCTACAATAT CTGGGTATTG AATGTATAAG TCTACAACAT CTTGGAAATC 1800  
 TTTTGAACCA CTTGACTAC TACCAATCAA CGTTAGTCCT TTTCCAATA CTAGACGTGT 1860  
 ATTAACCTCT ACTGGGAAC CACTTACACC TAACAGTnCA ATGCTTCCTT CTGGTGAAT 1920  
 45 GTAATCGATC ATT 1933

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 291:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2049 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## EP 0 786 519 A2

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 291:

	nGTnCGGnCA	GATATATTGG	TGGTCTTTAG	TAAGTGTATC	AAATTCATCA	GATGTCAAGG	60
5	GCATGTTATC	ACCTCCTTAG	GTTGATAACA	aCATTATACa	CGaAAGGAGC	ATAAAaCAaT	120
	GAACACAaGA	TCAGAAGGAT	TGCGTATAGG	CGTCCCACAA	GTTTCTAGCA	AAGCTGATGC	180
	TTCTTCATCC	TATTTAACGG	AAAAGGAACG	TAACCTTAGGA	GCGGAAATAT	TAGAACTTAT	240
10	TAAAAAAAGT	GATTACAGCT	ACTTAGAAAT	AAACAAAGTT	TTCTATGCAT	TAGATAGAGA	300
	ACTTCAATAC	AGGGCGAATA	ATAACAACT	TTAaCATTa	TCTAAAGGAG	TGATAGAGAT	360
15	GCCAAAAATC	ATAATACCAC	CAACACCAGA	AAACACATAT	CGAGGCGAAG	AAAAATTTGT	420
	GAAAAAGTTA	TACGCAACAC	CTACACAAAT	CCATCAATTG	TTTGGAGTAT	GTAGAAGTAC	480
	AGTATACAAC	TGGTTGAAAT	ATTACCGTGA	AGATAATTTA	GGTGTAGAAA	ATTTATACAT	540
20	TGATTATTCA	GCAACGGGAA	CATTGATTAA	TATTTCTAAA	TTAGAAGAGT	ATTTGATCAG	600
	AAAGCATAAA	AAATGGTATT	AGGAGGATTA	TCAAATGAGC	GACACATATA	AAAGCTACCT	660
	ATTAGCAGTG	TTGTGCTTCA	CGGTCTTAGC	GATTGTACTC	ATGCCATTGC	TGTACTTCAC	720
25	TACAGCATGG	TCAATTGCAG	GATTCCGAAG	TATAGTGACA	TTCATATTTT	ATAAGGAATA	780
	CTTTTATGAA	GAATAAAAAA	ACTGCTACTT	GTTGGAGCAA	GTAACAGTGC	AAGATGAGCA	840
	ATTGTCTTAA	ATAATTATAT	AAGGAGTTAT	TAATATGACC	TTACAACAAA	AAATACTATC	900
30	ACATTTTGCA	ACATATGACA	ATTTCAATTC	TGATGATGTT	GTTGAAACTT	TTGGGATATC	960
	TAAACACAT	GCAAAATCCA	CACTTTCAAA	ACTTAAGAAA	AAAGGAAAGA	TTGCAATGGA	1020
35	AAGTTGGGGT	GTCTGGCGTG	TTATTGAATC	GCAATTGCAT	TTAAGTGTAG	TCGAACGTAA	1080
	AAAAGAAATT	TTAGAAGAAC	AATTTGAATT	GTTAGCAAGA	TTAAATGAAC	AAAGTGATGA	1140
	CCCTAGAGAA	ATAGAAGAAC	GTATCAAGTT	AATGATTTCG	CTAGCTAACC	AATTTTAAGG	1200
40	AGGAGTTAAT	CAATGGCAGT	ATTAGAAGGT	ATTTTGAAG	AATTAAACT	ATTAAATAAG	1260
	AACTTACGTG	TGTTAAACAC	TGAACTATCA	ACTGTAGATT	CATCAATTGT	ACAAGAGAAA	1320
	GTAAAGAAG	CACCAATGCC	AAAAGAAGAA	ACAGCTCAAC	TGGAATCAAT	TGAAGAAGTT	1380
45	AAGGAACTT	CTGCTGATTT	GACTAAAGAT	TATGTTTTAT	CAGTAGGAAA	AGAGTTCCTT	1440
	AAAAAAGCAG	ACACTTCTGA	TAAGAAAGAA	TTTAGAAATA	AACTTAACGA	ACTTGGTGCG	1500
	GATAAGCTAT	CTACTATCAA	AGAAGAGCAT	TATGAAAAAA	TTGTTGATTT	TATGAATGCG	1560
50	AGAATAAATG	CATGAAGCTA	GATCACTCAA	ATAGAGCTCA	TGCAAAGCTT	AGTGCAAGTG	1620
	GAGCAAAACA	ATGGCTAAAC	TGTCCACCGA	GTATTAAGGC	AAGTGAAGGT	ATTGCAGATA	1680

55

GTCTTAAATA TGAAGGCCTA ACACAGTTTG AGTTTAATAA AGCTTTTCAA AATTATAAGC 1800  
 GAAATCAATA TTACAGTGAA GAGTTGCGCG AATATGTTGa AGAGTACGTA GCTAATGTAG 1860  
 5 AAGAAAAGTA TAACGAGGCT TTGaGTAGAG ATGACGATGT AATAGCTTTA TTTGAAACAA 1920  
 AATTGGATyT AGGTAAATAC GTCCCTGAAT CTTTGGTay TGGTGATGTC AtTATATTTT 1980  
 CAGGTGGTGT ACTTGAAATT ATTGACCTTA AATACGGTAA AGGCATTGAA GTTTCAGCTA 2040  
 10 TAGATAATC 2049

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 292:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 292:

ATGATGTTTC TATATTCGTA TTAGGAAAAC CTGTTGGTAT TACAACAAAC GCCCTAAAT 60  
 25 TACAATACCG CTGCTCCTAT ACCAATTGCA ACAACAGTTT TAACTGAAAT ATCTTGTTTT 120  
 TTCATCTTCA TTACTCCTt ACATAAAAAA TTCATTATAT TGATGGTGCT TTAGATAAAT 180  
 GAATCGTCCA ATCATTTCCTA GTACCAATAT GATATAAATC TGAAAATGAG TCTTGATTGA 240  
 30 CTGCTACACC AATATTTACT AGCGAGTTAA CATAACAAG AGGTTACCC ACATTAACAT 300  
 CTGCAAACGA TCGCGCAAAT TTAATAATAT TTTGATAGAC TTTCTTATCT TGATGATAAA 360  
 TTGTTACCAC CAAATTATTA CCATGAACAA TTTCCAAGGA TTTTAAGAAT GCCAATGGAA 420  
 35 TATTTGTCCA TAATGACCCA AATCTGATAT CTAATATATC AATGCTTCCT GTAACAGAAT 480  
 CCTCATTITT TGTCACTTCT CTTATTTCTA ATGCCTCAAT ACTATCAACA TTAATTGCCT 540  
 40 GACCGAGACG TTCAAACGCT ATCTTATTTG CAGCTAATCT CGCACCATTG TATGCATAAA 600  
 CATCTCTACC ATGAAAAGTA TGACTTTCTT CCGAATGAGG CAATCGGCTT TTCAC TTCAT 660  
 CAATTTTCGAT AACTTTTTTA ATACCTTCGT AATGTTTAAT ATGACTTAAA GAACCATTAT 720  
 45 CAGGTGTAAT AATGTAATGA CCTGAATATG TTAAGCAAGC AATGTCCGCC TATCACTACC 780  
 TACACCCGGG TCTACCACTG ATACAAaC TGTGCCTTTA GGCCAGTATT TTACAGTTTG 840  
 ATATAAACGA TATGACGCTA CCCAATGTC ATACGGTGGT ATATCATGCG TTAAGTTTTC 900  
 50 AACACGTATA TCATCATTAC AGTATATGCA ACTCCATACA TT 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 293:

(A) LENGTH: 1268 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 293:

10	TGTAATAAAA TTTTATGnAA CATGCTGnGA TGCTACCATG AACCTTCTTC ATTTCTTTAT	60
	GTGAGATTGT GaAATTAATC AAATAATAAT ACGGTGGATA CTTTCCTAAT TTACGATATT	120
	CCATTTCTCG ACGATAAAAT GTTAAATAAT CATTTTITTTG AACATCCAAT ATTGAATAAT	180
15	GATCTGGATT ATACGTTTGA ATGATGACTT GACCTGCCTT TTCATGACGA CCAGCTCTAC	240
	CAGCCACTTG CGTTAATAGT TGATAAGTAC GTTCGCTCGC CCGAAAATCA GGTAAATTTA	300
	ACATTGTATC TGCATTGAGC ACACCAACTA AAGTAATATT TGGATAATCT AATCCTTTTCG	360
20	CAATCATCTG AGTACCTAGT AAAATGTCAC CGTTACCTTT TTCGAATTCA GTCAATAACT	420
	TTTCATGTGC ACCTTTCTTT GAGGTTGTAT CTACATCCAT CCTAATTATG CGCGCATCTT	480
	CAAATCTTGT TTGCAATAGT TCTTCAACTT TCTGAGTACC AGTACCTACT TGTGCAATGT	540
25	GTTCACTCTC ACAATTTGGA CATTGATTCTG GTGGCGTCTC TTGGTAACCA CAATAGTGAC	600
	ATTTTAATAA GTCTGTCGTT TTATGATACG TTAATGAAAT ATCAGAGTTT GGACATTGCG	660
30	GTACATATCC ACAATCCCGA CATAACATAA ACGATGCATA ACCACGTCGA TTTAAAAATA	720
	AAACAACCTG TTCCTGTCGA TCTAATCTTA ATTGTATGGC TTCACGTAAA TCTTTTGAAA	780
	ACATTGACCG ATTACCTTCA CTCAATTCTT CACGCATGTC TACTATATCA ATTTGAGGTA	840
35	AAGCTTGTTG GTTCACTCTG TTTGGTAATG ATAGCAAATG ATAAACGCCT TTTTCAGCTC	900
	GTGCATAACT TTCAAGACAT GGTGTTGCAC TTCCTAAAAT GACTGGACAG TGATGATATT	960
	CACCTCGCCA TTGGGCAATT TCTCTAGCGT GATATCTCGG ATAATCTTCT TGTTTATATG	1020
40	TAGATTCATG TTCTTCATCA ATGATGATTA ACCCTAAATT TTTGAAAGGT GCGAACACAC	1080
	TTGACCTTGC ACCAACACTT ACTCTCGCAC GACCATCCCT AATTTTTTGC CATTGATCAT	1140
	AACGTTCCCC ATTAGATAAG CCAGAATGTA ATACAGCAAC GTCATCACCA AATCGACGTT	1200
45	TGAAGCGTAA AACCATTGTC GGTGTTAGAG CGATTTCAGG AACTAACATC ATCGCCTGTT	1260
	TTCCTTGG	1268

50

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 294:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 629 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 294:

5 TACCACCAAA TAATATATTA GCTGGCATT TAATAACATT TAATTGTC ATGATATCAT 60  
 CAATAAAATG TTGAACTTC GTAATTCAC CTTATAATC ATCAATTGCT GCTAATTGCG 120  
 CACTCGATGC TTGCTGATCT AAATTTAAAA TATTGACAT GCGTTGACTA TAATAACTA 180  
 10 AATGTTCTAT TAAGCCATCG TCACTCTTTT CCTTTGGTGC TGACATGACA GCGATACGTT 240  
 TCAAAGGATA GTGTGCGCC AATTTTAATG TCATTAATCC ACCTAAAGAC ACACCCGTTG 300  
 CACTGATAGA TTCATAACCT TCATTGACTA AAAATTGGTA AGCTTTCTCA ACTTCTTCCC 360  
 15 ACCAATCATC TACATTATAT GTCATGAAAT CTTTCAACAA TAAACCATGA CCTGGATAAT 420  
 TCGGTGCATA ACAACTAAAT CCTTGGTCAT TTAATCAGC TGCAAGATGC TTCACATCCC 480  
 GATTGTGACC TGTAATGAA TGTAATAATA ATATCGCATG TCCATTGTG CCTTTTAAAT 540  
 20 ACGTGGACTC GGTGTTTTAA TTCTCATTTT TCTATATACC TCCACTATGT CTAAAGAGT 600  
 TKGCTAAACG CGTTGTCGTC GATGATTAA 629

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 295:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2817 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 295:

35 TATGAAAGTA ATGAATGGTA ATATTATTAA ATTTGATGGA AAAGTAGATA TTGATAATGC 60  
 AGATAATATC GGTTTTTTAA TTGAGCATCC TAAATTATAT GATAATAAAT CAGGATTGTA 120  
 40 TAACTTGAAA TTATTTGCAC AAGTATTAGG TAAGGGTTTT GATAAAGCAT ACACAGACAA 180  
 AATTATAGAT GCATTTGGTA TGAGACCTTA TATTAAAAAG AAAGTTAAGA AATATTCAAT 240  
 GGGGATGAAG CAAAAGTTAG CAATTGCAGT ATCTTTATG AATAAACCTA AATTTTTAAT 300  
 45 CTTGGATGAG CCTACAAATG GKATGGATCC AGATGGCTCA ATTGATGTGC TGA CTACAAT 360  
 TAAGTCTTTA GkAAATGaC TTGATATGAG AATTCTAATA TCAAGTCATA AGTTAGAAGA 420  
 TATTGAATTA ATTTGTGATA GAGCTGTATT TTTAAGAGAC GGnCATTTTG TTCAAGATGT 480  
 50 AAACATGGAG GAAGGTGTTG CATCTGACAC AACGATAGTT ACTGTTGATC ATAAAGACTT 540  
 TGATAGAACT GAAAAATATC TTGCAGAGCA TTTCCAATTA CAAAATGTCG ACAAAGCAGA 600

55



	ATTAGATATT TATCCGAAAT ATATTGAAAC ACGTAAAAGT TCATTGCGTG ATACGTACTT	720
	CAATATAAAT CAAAGAGGTG ATAAATAATG AGAATTTTAA ATTTAGTTAA GTATGATTTT	780
5	TATAGTATAT TTAAaArTCC TTTAACATAT TTAGCGaTAC TAGTCGTATC TAGTTTGATT	840
	GCAACTCAAA GTATACTTAT GGCAAATTCG ATGGATAACC CGAAACATAT TATTGTCTAT	900
	GGATCTGTAT TTGCTGCAGC AAAATGGTTA TTGTTAATAA TTGGATTAAT GTTTGTGTGT	960
10	AAGACAATTA CGCGTGATTT TTCACAAGGT ACAaTTCAAC TATATATGAG TAAAGTTAAA	1020
	ACACGCGTTG GATACATTAT TTCGAAAACA ATTTCAATTa TTTTAATTTT AATATTATTT	1080
15	GCATTAATTC ATTATGTGAT TTTGATTGTT GTGCAGGCAT CTAGTAATGG AAAAAATTTG	1140
	GCGTTTTCTA AATATGTAGA TAATTTATGG TTCTTCCTAA TCTTTTACT ATTCTTTGGC	1200
	TTGTTTTTAT TCTTAATCAC ACTTGCATCA CAAAAACAG CAATGATATT TTCATTAGGT	1260
20	GTATTTTTAG TACTCATTGT ACCGTTTATT AAACCTTTTA TTACATTTAT CCCAAGATAC	1320
	GGTGAAAAAG TTTTAGATGC TTTTGATTAT ATCCCTTTTG CTTACTTAAC TGATAAAATG	1380
	ATTAGCTCTA ACTTTGATTT TAGCAATTGG CAATGGGTAA TTTCAATTAGG TTCTATAGTG	1440
25	ATATTCTTCA TTTTGAATAT CTTATATGTC GCTAAAAAG ACATyTAATA AAAATAATTT	1500
	TGAGGTTGGG AATTTTAAAT TTTCCCAACC TCAAAGTTTG TCTTATTGTA AATTTATTTA	1560
	TTTTCTAATT TATTTAGGAT GGAATTATAA ACTGCTTTCC AAAATGAAGC GTCAGTTTTA	1620
30	TAGCGGTTTG ATATAACTAA GTGTGTTTCT TTTTCTAAAT CTGCATAGTC TGGATGATCT	1680
	TTGCTCGGTA ATTTATCAGC ACGAACATCA GTTACAAATT TTTGGACTTC ATTTGCTCTT	1740
35	GGTCCCCAAA CTGTTTCTTG TTCGAATTGA TCATTCAAGA ATACGAAGAT AGGAATTGCA	1800
	CGTGATTTAC CATTTGTAA ATATTGATCG ATCAGTTTTG TATCATCATC TCTATGGAAC	1860
	ACGCGTACTT CTAAATTTAA TGCTTCACTG ATGTGTTTTA GAATTGGGAG ATTCATCATT	1920
40	GCATCTCCAC ACCAGTCTTC AGTAATTACT AATACTTTAG AATAATTCAT CTCTTTTATT	1980
	TTTTTGATGC GTGAATCATC TTCTGGTAAC TCAAATGATT GATAGATACT GAGAACGGTA	2040
	TCTTGATTG TCTTCATTCC ATCAATGTAT TCATTTAAGG GTTGGCTATT TTTGAAATAA	2100
45	GTTTCTAAAT TTGTCATTGT AAAAACCTCC TTTAGCATTT ACAACATTAT ACCAATTTAT	2160
	AGTAATAAAA GGTAATGAAA TAAATTAATT GCAAATTCCTT TGTTAATTTT TGTTAAGGAT	2220
	GAAACGGGAA GCACCTTATG CTATATTTAA ATAAGTACAA AGAAAGGGTG ACATCAGTGC	2280
50	GTATTCAAAA TCGCTGGGT GTGTTTATAT TATTTTAAAT CTGTTCTTTT GGTGTATTAA	2340
	TTGGTTTATA TCAATATCGT CATACGAAAA CTGTGGATTT GTCTAATCTT GAAATAAACG	2400

55

	TTGATCGTTT TAAATTTTAT AACAGTAAAG CTCACCCTGA TCTTACCGTT AAAGTGAGAG	2520
	AAAAGGATAA CATCGTTAAG GGGATAATAT TAGTAAGAGA TGAAAAGATA CATACTAATT	2580
5	TTGATGGGGG AATTGGTTCG CCGATAAATA ACGCgATTGA AAATCTTGGa TTCgGATATA	2640
	AAAGrACaAA AGTTGGcAAT GrtTkCtCAT CgGTAAAGTA TATTGATAGA GATAACCATT	2700
	TAAAATTAAA CTTACTTTTAT CAAGATTTAG AAATTAAACG TATTGAATTT TTTAGTAAAT	2760
10	AGCTTTAGGT CTTAAAGTTw TAAAAACGA ATGAaTAATT TTATTGGGAT GAGTGAC	2817

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 296:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1607 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 296:

	TCTGTAAAA TGATTTTTCT TTTAAAAAGG CCGRAAATCA ATGTTGCGATT nTTATTTGCA	60
25	TTATGGTCTC GATATTGGTA GAATATCAAA TGGTTAAATG AGAAAACTT GGAGGTGCTC	120
	ACATGTCATC AATCGTAGTA GTTGGGACAC AATGGGGAGA CGAAGGAAAA GGAAAAATAA	180
	CGGATTTCTT GGcAGAACAG TCAGATGTTA TCGCGCGTTT TTCAGGTGGT AATAATGCAG	240
30	GCCATACCAT TCAATTTGGC GGAGAAACAT ATAAATTACA TTTAGTACCA TCTGGTATCT	300
	TTTACAAAGA CAAATTAGCG GTAATCGGTA ACGGAGTCGT TGTGATCCA GTTGCACTAT	360
	TGAAAGAATT AGACGGATTA AATGAACGTG GCATTCCTAC AAGTAATTTA CGTATATCTA	420
35	ATCGTGCGCA AGTGATTTTA CCATATCACT TAGCACAAGA TGAATATGAA GAACGTTTAC	480
	gTGGgGACAA TAAGATTGGT ACAACTAAAA AAGGTATCGG TCCAGCATAT GTAGACAAAG	540
40	TTCAACGTAT CGGTATTCGT ATGGCAGATT TACTTGAAAA AGAAACATTC GAAAGATTAT	600
	TAAAATCAAA CATTGAATAT AAACAAGCAT ATTTCAAAGG TATGTTTAAC GAAACATGTC	660
	CATCATTTGA TGATATCTTT GAAGAATATT ATGCAGCAGG TCAACGTCTA AAAGAATTTG	720
45	TAACAGACAC ATCAAAAATC TTAGACGATG CATTTGTAGC AGATGAAAAG GTACTTTTCG	780
	AAGGTGCGCA AGGTGTAATG TTAGATATCG ACCATGGTAC ATATCCATTC GTTACATCAA	840
	GTAATCCAAT TGCAGGTAAC GTTACTGTTG GTACAGGTGT AGGTCCTACA TTCGTTTCAA	900
50	AGGTAATTGG TGTATGTAAA GCTTATACAT CACGTGTTGG TGATGGTCCA TTCCCTACTG	960
	AATTATTCTGA TGAAGATGGA CATCATATTA GAGAGGTTGG TCGTGAATAC GGTACAACAA	1020

TAAGTGGTAT TACAGATTTA TCTATTAACT CAATCGATGT TTTAACAGGC CTAGACACAG 1140  
 TGAAAATCTG TACAGCTTAT GAATTAGACG GTAAAGAAAT TACTGAGTAC CCAGCAAACCT 1200  
 5 TAGATCAATT AAAACGTTGT AAACCAATCT TTGAAGAGTT ACCAGGTTGG ACAGAAGACG 1260  
 TAACAAATGT GCGTACTTTA GAAGAATTAC CTGAAAATGC ACGTAAATAT TTAGAGCGTA 1320  
 TTTCAGAATT ATGTAATGTA CAAATTTCTA TCTTCTCAGT TGGTCCAGAT AGAGAACAAA 1380  
 10 CAAACCTATT AAAAGAATTG TGGTAGAACT TTATATAAGT CATAACAAT GATTATAAAT 1440  
 ACATGAGCCT TCTATCTTTA TTGGTAGGAG GCTTTTGTGA TGCTTGCTTC TGTATCGATT 1500  
 15 CGATTATTTA GATAAAAAAT ACTAACGTAA AGGCGATATT TGCTAGTCAT AATTTAGAAG 1560  
 rTTAgATGat AtTtAACGAA AAtTAAGATG anATACtTGA ATGGTAA 1607

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 297:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3055 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 297:

TTAGAAGTAA GCACTTTAAT ATCTTTACCT ACCCATGTAC CAACACCTTC TTTAGGCTTT 60  
 30 GGATTTTTCAG CATGGTTATT TGATTATTTC ACCTGTTTAC ATCTATTTAC TTTATTACCT 120  
 TTATTCGGGT TCTCTAATAC ATCAAATTTT AATCTCGGTG AATAAAAAAG ATATATTAAA 180  
 AATCCAATA AAAATAATAC ACCGACGACT CTTATAATTA ACTTTTTTCAT CAATCAACCA 240  
 35 CCTAAAAAGT ATTAATACTA TTGTAAAAAA CAACACATTA ATTAGCAAAT TTTCAACACT 300  
 GACATAACTG TGTCGTTTCG ATAAACAAA ATCATCTTCA GGCATAATTT TAACGTCATA 360  
 40 AAGATTTTCC CTACACTCTA TATCATAACC TATCTTTATG TTTTCAGGTT GAATTTTCATT 420  
 ATTAAGATTA AAATATGTAT AAAAAATGG ACAGTTAAGG TATCAAATGA ATACCATCAA 480  
 CTGTCCGACT ATTCTTCATC AAAAAACCTG ATAAACAAA TTGCCTTATC AGATTAGTAT 540  
 45 CATTTGTATA AGCATATTAA TGACCAAATG TTGCTTTAAT CAGTGATGTC GTTTCTCCAC 600  
 CTGGATATAA TACATATAAT AATAAGTAAA CTGCTACACC TGTAATTGCA GTACAGAACC 660  
 ATATAACTGA AGCGAATGGC CCGAATTTGC GGTGTACATT ATATTTATCT TTAAATGCAG 720  
 50 TAATAATTTG AACTAGGCCT AGAATACCAC CAATTGTTGC TAAATTAATG TGGAAAAATA 780  
 AGAAAAATCGT ATAATATTTT TTAATTGATG CTGGTCCGCC AAATGCTGTA TTACCGATAA 840

TAACATTTTT GTGTTTATTT ATTTCCCTTT TCCAAATAAG TCTCCAACCA ATGGCAATTA 960  
 AAATTGCACT AATGACAATA CATGTCGTAC TAATCGTTGG TAAAATTGGA ACGCCCATAT 1020  
 5 TTTTCATCCT AACTTAATTA ATCTAGATCA AAGTAAGTAA TGAAACAATC ACAGCTAACA 1080  
 CGAAAAAGAT CACTAAATAA TTTAGTGAAT ATATAAACAT TTGTGTGGCC CATTTTGTTT 1140  
 GATCTGAATT TTCTTAAAT GTTGTTAAAC CTAATGCAAT CCATCCTAAA TTTAATAAGG 1200  
 10 TrGCTAACAC TacGAATACG ACACCTAAAT TTATTAGTAA TAAAGGTACT GGCAATAAAA 1260  
 TAATCAACCA GATAAACATA CTGACACGTG TACGTTTAAA GCCCTTAACT GATGGTAACA 1320  
 TTGGAATATT TGCAAGTGCA TATTCATCTT TACGTTTAAAT AGCTAAGGca TAAAAATGAA 1380  
 15 TTGGtTGCCA ACmAAATACA ACTAAAAACA GCGCAATCGC TGTTAAACTA ATTTGTCCTT 1440  
 CAATTGCAAC CCATCCAATT AGTGGTGGTA CTGCTCCAGG AAAACTCCCA ATCACTGTGT 1500  
 20 TCCATGTTGT ATGTCTTTTA GACCATATTG AGTAATAAGA CACATAACCT ACAATCCCCA 1560  
 TAAGACCAAG TACGCTGAT GGTATATTCA ATAAAAACAA ACAAATTCT CCAACTAACA 1620  
 TCATACCAA ACTTAATAGT AATAAATTTT GATCTGTAAT TCTATTATT ACAGTTGGTC 1680  
 25 TATTTTGTTT ACTAGGCATA ATACGATCAA TATCTTGTC GTAATAATTA TTTAACGCAC 1740  
 ATGCGCCACC CATAATTAAA GTAGATCCAA ATAGCATTAA TAAATTGGA GGTATTGATG 1800  
 ATAAGAAGGA ATGATTGTC ATTACAACG CTAGCCATGC GCcCGCAAAA GCCGGAATTA 1860  
 30 AGTTACCTTG AACAAAGTCCC ATTTTAATTA TCTGTTGCAA TTCTTTGAAG TTAACCTGTC 1920  
 TAATATTTTG TGACmAGTA TGCTCTTGC TCATAATCCC CCTCCTTAAA TTTGTTTATA 1980  
 TAAGATTATG ATATCTTAGA TTGCATAAAA AGACTAGGTT TAATAAAATT AAATTGTGAC 2040  
 35 AAATTAACGA CAAGAGAAAA TGTCAATTTT GTGACACAAA TAACATTTAA TTTATTGCTA 2100  
 TAATGTATAT GTTAGAAAAT TTTAATAAGT AGAATCATGC ATCTAAAAGA GATTAATATT 2160  
 TAAGCTTCAA ATTTGAGTAA ACGTGGATTA CATAATTATC CCAATAAAAA AATCATTACG 2220  
 40 ATTAAGTTCT TTTTATGTCG TCCACATACA ATACTTGTA AATTAAATCA TATTTCTGTC 2280  
 GTTGATCCC ATCTTTTCAT ATCCTACAAT CAGGTCTATT TATAGTATCA TCTCAAATCC 2340  
 45 GGCTATTAAT TCTAATTCTC AGTGATGCGT TTTTTTATGA TGGGGTGTAT AAATTGTTTG 2400  
 GCAAAAAGAA TTTAAATGG TTAGGTGTCG TAGCAACGTT AATGATGACA TTTGTACAAC 2460  
 TTGGTGGAGC CTTAGTTACC AAAACCGGAT CAGCTGATGG TTGTGGTTCT TCTGGCCAC 2520  
 50 TATGTCATGG TCGTTGATT CCAGAATTCT TTCCTATTGA TACGATTATT GAGTTAAGTC 2580  
 ATAGAGCCGT TTCAGCTTTG TCTTTATTAA TGGTCTTATG GTTAGTTATC ACTGCATGGA 2640

55

TATTGCAAGC ATTAATCGGA GCTGCTGCTG TTATTGGCA ACAAACGAT TACGTTTTAG 2760  
 CATTGCACTT TGGTATATCA TTAATCAGTT TCTCATCTGT ATTTTAAATA ACATTGATTA 2820  
 5 TTTTCTCTAT AGATCAAAAA TATGAAGCTG ACGAATTATA TATCAAAAAG CCATTAAGAC 2880  
 GTTTAACATG GTTAATGGCA ATCATCATTT ATTGTGGTGT TTATACTGGT GCACTAGTGa 2940  
 GACATGCGGA TGCAAGTTTA GCATATGGTG GTTGGCCATT GCCATTACCA CGATCTTGTA 3000  
 10 CCACATTCAG GAACAAGATT GGGTTCAACT CACGCATCGT ATCAnGGTCn nTTAA 3055

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 298:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 748 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 298:

TTCTTATTTA AAGAAGTCAT TTTTAGAAAT TGTGAGACT TAAAAAATG ATCCGTATAA 60  
 25 AATAACACAA TCTTTTGAAA AATTAGAGCC TAAATATTTA GAGCGATATT CAAGAAGAAT 120  
 TAACCATCAG CACAGGGTCG TCTATACCGT AGATGATCGA AATAAAGAAG TATTAATACT 180  
 ATCGGCATGG TCACATTATG ATTAATGAAT ATTCAATATC TGAATAACTT TAATGATAAG 240  
 30 TTAATTAAAG AAAC TAGTAT TTAAGTGTAG GGAAATAGC GACGTTAATG CGTTGTTATC 300  
 TCTACACTTT TTAATTTTAT AATAGCGCAA GACTAAACAG ATTGAAATTA GTAACAATAA 360  
 AAGAATAACG TATTATAATA AGGAATTTTA AATTGTGACT TTTTCGGAAT ATTAAATTTT 420  
 35 AGAAATATGA GGTTTTTAAG CGGATTCCTC ACAAATTTT AAAAATATTT AAGCCTGAAA 480  
 ATGATAAAGC GGTAGGGAAC GTTTTTCTGA AaGTTAGTGA TACAATAGTT TTAAGTTGAA 540  
 40 ATACAGGAGG ATGAATAACA TGAATCAGTC AGTCAAATTA CTTAAACATT TAACAGATGT 600  
 AAACGGCATT GCTGGTTATG AAATGCAAGT TAAAGAAGCA ATGCGTaaCT ATATAGAGCC 660  
 TGTCACTGAT CaaATTATTG AAGATAACTT GGGTGGCATT TTTGGAAAGA AAAATGCTGA 720  
 45 GAATGGTCAA TACTCAATTA TGGAnTTC 748

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 299:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4718 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 299:

	ACCTCCGAAT AATTGATTCC ATTAACTTTT TTTGTGAAAA AtTTAAACAG GCGAAGTCTT	60
5	CAATAAGTGA AGATGTCCAA ATTATAAAAA ATACATTCCA AAAAGAAAAG TTAGGTACAG	120
	TAATTACTAC yCTGGCGCAA GTGGTGGTGT TACGTATAAA CCAATGATGA GTAAAGAAGA	180
	GGCGACTGAA GTTGTTAATG AGGTCATTAC TCTATTAGAA GAGAAAGAAC GTTTGTTAcC	240
10	TGGCGGATAT TTATTTTTAT CAGATTGGT AGGTAATCCA TCGCTACTAA ACAAAGTTGG	300
	TAAGTTAATT GCCAGTATTT ACATGGAAGA AAAATTAGAT GCTGTTGTTA CCATTGCGAC	360
15	AAAAGGTATT TCATTGGCAA ATGCGGTTGC TAATATTTTA AATTACCAG TAGTAGTGAT	420
	TAGAAAAGAC AACAAGGTGA CTGAAGGTTT TACAGTTTCA ATTAATTACG TTTCAGGATC	480
	TTCAAGAAAA ATAGAAACAA TGGTACTTTC GAAGAGAACT TTAGCAGAAA ATTCAAATGT	540
20	TTTAGTTGTC GATGATTTTA TGAGGGCTGG TGGCTCTATT AATGGTGTTA TGAATTTAAT	600
	GAATGAGTTT AAAGCCCATG TAAAAGGGGT ATCAGTACTT GTAGAATCAA AAGAAGTTAA	660
	ACAAAGATTG ATTGAAGATT ATACTTCCTT AGTGAAATTA TCTGATGTAG ATGAATATAA	720
25	TCaAGAGTTT AACGTAGAAC CTGGCAACAG TTTATCTAAG TTTTCATAAA AGGAGTTTTA	780
	GTATTATGAA AATCATTAAC ACAACAAGAT TACCGGAAGC ACTTGGACCA TATTTCGCATG	840
	CAACAGTTGT GAATGGTATG GTTTATACTT CTGGTCAGAT TCCATTGAAT ATTGATGGAC	900
30	ATATCGTAAG CGCTGATGTT CAAGCACAGA CAAAACAAGT TTTAGAAAAT TTAAAGGTTG	960
	TTTTGGAAGA AGCAGGATCT GATTTGAATT CTGTTGCGAA AGCGACCATT TTCATTAAAG	1020
35	ATATGAATGA TTTCCAAAAA ATAAATGAAG TGTATGGTCA ATATTTTAAT GAACACAAGC	1080
	CAGCGCGTAG TTGTGTAGAG GTTGCGCGTT TGCCAAAAGA TGTGAAAGTA GAAATTGAAT	1140
	TAGTAAGTAA AATTAAGGAA TTATAATTTT CGATTAATAT GTTTAATCAA GCTTCTAAAT	1200
40	AAAACAGAGA GATATATACT ATAGGGGGGC TCACTACATG AAAGTGACAG ATGTAAGACT	1260
	TAGAAAAATA CAAACAGATG GACGAATGAA AGCACTCGTT TCCATTACAT TAGATGAAGC	1320
	TTTCGTAATT CATGATTTAC GTGTAATTGA AGGAACTCT GGCTTGTTTCG TTGCAATGCC	1380
45	AAGTAAACGT ACACCAGATG GTGAATTCCG CGACATCGcg CATCCTATTA ATTCAGATAT	1440
	GAGACAAGAA ATTCAGATG CAGTGATGAA AGTATATGAT GAAACAGATG AAGTAGTACC	1500
	AGATAAAAC GCTACATCAG AAGATTCAGA AGAAGCTTAA TCAATTTTAT ATTTAGCGAT	1560
50	GTAATACATT TGCAATAAGT TGATTTGATA CTGTGCATAA AGCATAAAGC TTGTCTGGCA	1620
	GTTTTTTTAG TTTGTATTAA TGTTTTTTTA TTTTAAATGA AAGGCTAATA AATATATACG	1680

55

## EP 0 786 519 A2

	TGATGCTCGT ATTTTGAAG TAAGAAAAA GTTGTTTTTA AAATTACAAC GAATTAAAAA	1800
	CAATGCCTTT TATATGTTGA AAGAGTATTG CaGATTAAAT TaTAATAATG ACGAaGgTAA	1860
5	AATTTAATGG GGGTTAATGT TCATGCGAAG ACACGCGATA ATTTTGCCAG CAGGTAAAGG	1920
	CACAAGAATG AAATCTAAAA AGTATAAAGT GCTACACGAG GTTGCTGGGA AACCTATGGT	1980
	CGAACATGTA TTGAAAGTG TGAAAGGCTC TGGTGTGCGAT CAAGTTGTAA CCATCGTAGG	2040
10	ACATGGTGCT GAAAGTGTA AAGGACATTT AGGCGAGCGT TCTTTATACA GTTTTCAAGA	2100
	GGAACAACTC GGTACTGCGC ATGCaTGCAA ATGGCGAAAT CACACTTAGA AGACAAGGAA	2160
15	GGTACGACAA TCGTTGTATG TGGTGACACA CCGCTCATCA CAAAGGAAAC ATTAGTAACA	2220
	TTGATTGCGC ATCACCAGGA TGCTAATGCT CAAGCAACTG TATTATCTGC ATCGATTCAA	2280
	CAACCATATG GATACGGAAG AATCGTTCGA AATGCGTCAG GTCGTTTAGA ACGCATAGTT	2340
20	GAAGAGAAAG ATGCAACGCA AGCTGAAAG GATATTAATG AAATTAGTTC AGGTATTTTT	2400
	GCGTTTAATA ATAAAACGTT GTTTGAAAAA TTAACACAAG TGAAAAATGA TAATGCGCAA	2460
	GGTGAATATT ACCTCCCTGa TGTATTGTCG TTAATTTTAA ATGATGGCGG CATCGTAGAA	2520
25	GTCTATCGTA CCAATGATGT TGAAGAAATC ATGGGTGTAA ATGATCGTGT AATGCTTAGT	2580
	CAGGCTGAGA AGGCGATGCA ACGTCGTACG AATCATTATC ACATGCTAAA TGGTGTGACA	2640
	ATCATCGATC CTGACAGCAC TTATATTGGT CCAGACGTTA CAATTGGTAG TGATACAGTC	2700
30	ATTGAACCAG GCGTACGAAT TAATGGTCGT ACAGAAATTG GCCAAGATGT TGTATTGGT	2760
	CAGTACTCTG AAATTAACAA TAGTACGATT GAAAATGGTG CATGTATTCA ACAGTCTGTT	2820
	GTAAATGATG CTAGCGTAGG AGCGAATACT AAGGTCGGAC CGTTTGCGCA ATTGAGACCA	2880
35	GGCGCGCAAT TAGGTGCAGA TGTTAAGGTT GGAAATTTTG TAGAAATTAA AAAAGCAGAT	2940
	CTTAAAGATG GTGCCAAGGT TTCACATTTA AGTTATATTG GCGATGCTGT AATTGGCGAA	3000
40	CGTACTAATA TTGGTTGCGG AACGATTACA GTTAACTATG ATGGTGAAAA TAAATTTAAA	3060
	AcTATCGTCG GCAAAGATTC ATTTGTAGGT TGCAATGTTA ATTTAGTAGC ACCTGTAACA	3120
	ATTGGTGATG ATGTATTGGT GGCAGCTGGT TCCACAATCA CAGATGACGT ACCAAATGAC	3180
45	AGTTTAGCTG TGGCAAGAGC AAGACAAACA ACAAAGAAG GATATAGGAA ATAATCATT	3240
	ACGTATTTAA AATGGCTAGG ATAAAAGGAT AATCCTATGT AATATTAATG TAATCTTTAT	3300
	GATTTAATGA TTCGCATAGT AATGGAGTTA CATyTTATAT ATAATAGTAA TTGCGTAAGT	3360
50	AAATAATTGG AGGACTATAA ATGTTAAATA ATGAATATAA GAATTCGTCA TTAAAGATTT	3420
	TTTCATTGAA AGGAAACGAA GCATTAGCGC AAGAAGTTGC TGACCAAGTA GGAATTGAAC	3480

55

5 GTATTCGTGG TTGTGACGTA TTTATTATTC AACCAACATC ATATCCTGTG AATCTACATT 3600  
 TAATGGAATT ATTAATTATG ATTGATGCTT GTAAACGTGC TTCTGCAGCA ACAATCAATA 3660  
 10 TTGTAGTGCC ATATTATGGA TATGCAAGAC AAGATAGAAA AGCCCGTAGC CGTGAGCCAA 3720  
 TCACTGCTAA ATTAGTTGCA AACTTAATCG AAACAGctGG CGCAACTCGT ATGATTGCGT 3780  
 TAGACTTACA TGCACCACAA ATTCAAGGAT TCTTTGATAT TCCAATTGAC CACTTAATGG 3840  
 15 GTGTGCCAAT TCTTGCTAAA CATTTCAAAG ATGATCCGAA TATTAACCCA GAAGAATGTG 3900  
 TCGTTGTTcA CCAGACCATG GCGGsnTTAC ACGTGACAGT AAATTAGCTG ACATTTTAAA 3960  
 AACTCCAATT GCAATTATAG ATAAACGTCG TCCTAGACCA AATGTTGCTG AAGTGATGAA 4020  
 CATTGTTGGT GAGATTGAAG GACGTACGGC AATTATTATT GACGATATTA TTGATACAGC 4080  
 AGGTACAATC ACTTTAGCTG CACAAGCATT AAAAGATAAA GGTGCTAAAG AAGTATATGC 4140  
 20 TTGTTGTACA CACCCTGTTT TATCAGGACC GGCTAAAGAA CGTATCGAAA ATTCTGCTAT 4200  
 AAAAGAATTA ATCGTAACAA ACTCAATTCA TTTAGATGAA GATCGCAAAC CATCTAACAC 4260  
 TAAAGAATTA TCTGTTGCTG GTTTAATCGC ACAAGCTATC ATTCGTGTAT ACGAAAGAGA 4320  
 25 ATCAGTTAGC GTATTATTTG ACTAATATTT AAAAGGCGTT TGACGAACAT ATTCCAAACG 4380  
 TGTATAATAG TTTCGTTTCGT GATTATACGA ATAAATAAAC ACTTGCAAGC AACGATGATG 4440  
 TTGATGGGTA AGTGAGGTGC TCGTTTGTAG CAAAAATGAA AGGTGGAAAT GAGAATGGCT 4500  
 30 TCATTAAAGT CAATCATCCG TCAAGGTAAA CAAACACGTT CAGATCTTAA ACAATTAAGA 4560  
 AAATCTGGTA AAGTACCAGC AGTAGTATAC GGTTACGGTA CTAAAAACGT GTCAGTTAAA 4620  
 GTTGATGAAG TAGAATTCAT CAAAGTTATC CGTGAAGTAG GTCGTAACGG TGTTATCGAA 4680  
 35 TTAGGCGTTG GTTCTAAAAC TATCAAAGTT ATGGTTGC 4718

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 300:

- 40 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3181 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 300:

50 AAAATGCATA TAAATACATA TTAAGGAGGA TTTTATGAAT TTTCTTAAAC CTGCAAAGCA 60  
 TATTAAGCCT TTGCCAGAAA ATCAGATAGA TGATACCTAT AAACGATTAC GTCTCCAAGT 120  
 ATTTCTTGGT ATTTTCATCG GTTACGCTGG GTACTATTTA TTACGTAAAA ACTTTTCGTT 180

55



	TGCTGTTTCC ATCGCATATG GATTTAGTAA GTTCTTTATG GGTACTGTAA gTGATCGGAG	300
	CAATGCTCGG ATATTCTTAG TTCTTGGATT AGCACTCACT GCTATCGTCA ATTTGTTAAT	360
5	GGGATTTGTA CCGTTCTTTA CATCAGGTAT CGGTATTATG TTTGTCCTAT TATTCTTAAA	420
	TGGATGGTTT CAAGGTATGG GCTGGCCACC TTCAGGCCGT GTTCTCGTTC ACTGGTTTAG	480
	TGTAAGTGAA CGCGGAAGTA AGACTGCCCT TTGGAACGTT GCGCATAATG TTGGTGGAGG	540
10	TATTATGGCA CCTATTGCTG CTGGGGTAT TACAACAACT GCATTTATCA ACTTTGGTTA	600
	TTTAAAAGGT TTCGAAGGTG TATTCATTTA CCCTGCACTC TTAGCACTTA TCATTGCCGC	660
15	AATTTCATAC GTATTGATTA GAGACACACC TCAATCTCAA GGTTTACCTC CAATCGAAAT	720
	TTATAAAAAT GACTTTGCTA CAAGCGATAA GAAAACATTA GAAACAGAAT TAACTACAAA	780
	AGAAATTTTA TTTAAATATG TACTGAACAA TAAATGGGTA TGGGCAATTG CCTTTGCAAA	840
20	TATATTTGTT TATTTTCGTGC GTTATGGTGT ACTTGATTGG GCGCCAGTCT ACTTAAGTGA	900
	AGAAAAACAT TTCGACTTAA AAGCATCAGG TTGGGCATAC TTCTTATACG AATGGGCTGG	960
	AATTCCTGGT ACATTATTAT GTGGTTACAT TTCTGATAAA TTATTCAAAG GTCGTCGTGG	1020
25	ACCTGCAGGT TTCTTCTTTA TGTTAGGTGT CACAGTATTT GTATTAATTT ATTGGTTAAA	1080
	TCCTCCAGGC AATGCTTGGT TAGACAATGT CTCATTAAAT GCCATTGGTT TCTTAATATA	1140
	TGGACCAGTT ATGTTAATTG GTTTACAAGC ATTAGATTAT GTACCTAAAA AAGCAGCTGG	1200
30	CACAGcAGCT GGATTAAACAG GATTATTTGG TTATCTGTTT GGTGCTGTAA TGGCCAACAT	1260
	CGTCTTAGGT GCTGTAGTTG ATAAATTCGG ATGGGATGTC GGTTTTATTT TATTAACAGC	1320
	AATTAGTGTG TTTGCAATGT TGAGCTTTAT CCTCACTTGG AATAAAGTAG GACAAGAAAC	1380
35	CGTTCATCAT TAAATGATAA AAAATAAAGT CATATGGTTA TCTTATCGAA AGATGATATA	1440
	TTCTCTCTT ATAAGTTCAA CCATATGACT TTTTATTAGT ATTCAAAAAA ATATTTACAT	1500
40	TGCCACTTTT GTGTTTGCCC TGCTGTTTTA TTCAATTGAT TACACCACTT AGGATAAACT	1560
	CTAAAAGCCA TTTTCCCTTG ATACTTAGAT GAAGCTAAGA TACCTTTTTC TACCAATAAT	1620
	TCCCTAGGAA ATAGAAAGTA GCCATTTAAT TCATCATCGA TAACAGCAAC AATCAGGTAA	1680
45	TCAGCAAAC CTTCATTTT GTATGGCCGA TTATAATTAT CtTCGTCTTT TGTCCAACAT	1740
	GTCACGAAAT ATCCCGATTT AGTCGGTGT TTCTTAGCTA ACCTACTTTG ATATGTTTCC	1800
	TCTTTAAAGC TAAATGTTAA TGCyTCGTAA TCTTGATTAT ATTTTCTTC AGTTAAATCT	1860
50	TTAACTTCTG ATTCTTCACT AAAAATATTT TTCAACAGTA TTTTAGATT ACACATATGC	1920
	CAATCTCACT TTATTTTTTC ATAATCGTAT CATATATTTA TTTTTTTCGA AAAATACACT	1980

55

TGTATCAACT GTCAAACGAT CACGTAATAA ATAGACGATT AACATTGcTG CTAAAGCACA 2100  
 AAGTGACTCA GCAATTAATA ATGACCAAAT GACACCTGTT AGTCCAAACA AAGCATT CAT 2160  
 5 AATAAATAAT ACTGGAATGA TAATTGCACC TTGTAAAATG GCCATAATTG TAGCACCACG 2220  
 ACCTTGCCCA GTCGCTTGAA GCATACCAGT AAACAAGAAA CCTATACCAT TTAATAATAA 2280  
 TGATGCCATT GTTACTTTCA AAATAAATGt CGCCATCTCA ACAATGGCTT GATCAGTAGT 2340  
 10 AAATAGTCCG ACCATATGAT GTCCAATTGT AAATACAGCA CTCATACATA CAACAAAGAT 2400  
 AACGCCGATA GACATGATAA CTGCTTTGAT AACGTCTTTC ATACGGCCTT TATTTGCCAT 2460  
 AAAGTTATAT GCAATTAGTG GTACAACACC TTCACATAAT CCCATGATAA TAAGTTCTGG 2520  
 15 aAATTGCACA AGTCTAAATG AGATACCATA ACTTGCaATC GCGAAGTTTC CATAATGTGC 2580  
 TAAAAATAAA TTTAAACTA ATCCTGTGAA TCCCATTAAG ATACTCATTa AAAATGCAGG 2640  
 20 AATACCGATT TTAAAGATTT CAGAAAGCAT TTCTTTATTA GGTTTCGCAA GTTTAATATT 2700  
 AACTGACACA ACGTCACTAT TTTTCATAAA ATAAATGATA AAGAACAGAG CAGCAGCAAC 2760  
 ATTACTGATT GCAGTACCCA AAGCTGcACC AACACGTTT aAATCAAAAC CAAAAATTAA 2820  
 25 AATTGGATCT AAAATAATAT TTAAGCCTAC ACTAGCTAAC ATACCAATCA TAGAAACCAT 2880  
 TGGTGCCCA ATTGCACGTG CAAATTGTTC TAATATGAAG AACAAAATTA CAAAAGGTGC 2940  
 ACTTAAAAAC ATTACTTTCA AATAATTACT TGTTAAAGCT AACGTTTCAC CTCTCGCCCC 3000  
 30 TAAAAATTGCT GCGATTTGAT CACTGAATGG TAAAGTAACT AAAATCACGA TAAGTCCTAG 3060  
 TGCAATACCA CCATAAATAG AGAACTACT TACAAATTTA CTCTTAmTAT AGTCTTTTCGC 3120  
 ACCTAATAAAA CGTGAAATAT AAGTTCCTGC ACCAACGCCA AATAAATTAC CTAACCCCAT 3180  
 35 T 3181

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 301:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4029 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 301:

TCATCACCTT CAAATAAATA GGCATGCGAT AATTTATTG AATGATATGC ATTCGTCAAT 60  
 50 TGTGCTGTT CATCCATTCA TTACAACTC CCTTTTGCTT TTATATAAAA AGGTTGCCAA 120  
 AGAGCAACTA ATTACTGCAA CAATAGCGAC CATGATTTGT GATTATTTTT AGAACCACAA 180

	TTATTAATAC ACTATTTTAA GTATCTCTAA TTGATGATTG TATTATAGAA TTAAAATTGA	300
	TGGAATGCAT CAACTGGCAT AACAAATACA GTAGCACC GC CAACTTCAAC TTCAACTGGA	360
5	TATGGAATGT ACGAATCCGC ACTGCCTCCC ATAGGTGTAA TAGGTGAAAC CAACTGTTCT	420
	CTATTACCAC ACGTTTGATT AATCACAGAC AATATTTTCAT CTACACGGTC ATCATTGACA	480
	CCACATAAGA ATGTTGTATT ACCCGCTCTT AAAAACCAC CTGTTGTTGC CAATTTTGT	540
10	GCTCTAAAGT TATTTTAAAC AAGTTGATCT GCAAGTTCCT GACTATCTTG ATCTTGACG	600
	ATCGCTATAA TCATTTTCAT TTTATAACAC CTCTTCTAAC AATTATATCA TATCTTTTCT	660
15	AAATATTTGA TGATAGTTTG ATACGTGTCT TCAACAACAT TTTCAAGAGG TTGATCTGCA	720
	TTACGCTTTT TGAACCGTTG TGATTCATTA TGAATGATTT CTTGGTAACC TTCAATTACT	780
	TTTTCGTGAA cTTTAAATCT TCTTGATCTA ATCTATTTTG ATCTCTTGAA TTTTAAATAA	840
20	TACGTTTCGC ACCTACTTCA GCACTAACAT TTAAATAAAT CGTCAAGTCT GGAATAATC	900
	CATTTATTGC AAATTCGTTT AATGCTCTTA CTTCTTCAAC GCCAATCCCT CTAGCATAAC	960
	CTTGATAAGC TAATGAACTA TCGATATAGC GATCACACAA CACAACCTTA CCTTCTTTTA	1020
25	AAGCTGGTAT GACCTTTAAT ACAAGATGTT CTCTTCTAGA TGCAGCAAAT AACATTGcTT	1080
	CaGTtCTAAT GTCCATATCA TTGCCcTTCT AATACAATTT TACGTATTTTc TTCACCAGTA	1140
	GGAACACCAC CTGGTTCTCT AGTCATAATG ACATCATAAT CTTTTACTAA TCTATGGTAA	1200
30	ACTTCATTAA TTACAGTTGT TTTTCCAGAG CCTTCTGGGC CCTCAAAAGT TATAAAAGCT	1260
	GACATTTTAT TCATCCTCAA CTAAAATTTT ATTATTTTAA ATTCCCTCAA CTATCATTCC	1320
	AGTTTCAGTA TATTCATTTA CCAATTCTAT CATATTTTCA GTTATTGTTT CTCCTTTGAA	1380
35	AATAATAGGA ATcCCTGGcG GATACGGGAC AATATGTGCG GCCAGAACTT TACCTTTgCC	1440
	TTTTcAAATC ACACCAAGTA ACATATTCAA AGCGTTTTGG TTTATAGTTA CCTTCAGTyG	1500
40	TTAAAAGTTG TGTTTGTTTA ACTTTAGAAA CTGATTTTTT CGGTAAAATC ATATCTTCAA	1560
	TTTTACGTAA AAGCGAATCA AATAAATACG TATCATCATG ATGCCATAAC GGCAATATCG	1620
	CTAATGCTTG ATAGTCGTCC GCTAATTCTA AATAGATATG TGCATTGATA AACCAATTTT	1680
45	GAATATCATG ACCTGTAAAA CCTTCATATT TTATCAGCAA CTTCAACGGA TCATCAACTT	1740
	GAAGCATTTTc AAAACCCCTTc TTCTCCAAAC ATTCGATTAA TTGCGCTCTC TTATCAAAAA	1800
	ACACGGTACT ATCATATGTT TTATAGAACT CGGCAGCTGA CTCTAAACTA GCCATAATCA	1860
50	AATACGAAGG ACTAGATGTT TGGAAGTAGC TTAGATATTC TATAATAGTT TCTCTATAAG	1920
	GTGCATTTTT ATGAATATAA AGTACCGAGC CCATCGTTAA AGCTGGTAAC GTTTTATGAA	1980

55

CAAAGTGCGC GCCGTGTGCT TCGTCAATGA GTACAGGAAT ATTTAATTGG TGCAAAGATT 2100  
 TGATAACCTC TTCTACATTA AATGTTTCAC CGTAATAGTT AGGATAAGTC AACACAGCAA 2160  
 5 GTTTGTGACC GTCATTATTC AAACGGCTTA AATTAACCTT ATTATAATGA TTCGTTAACG 2220  
 GACTTTGATG CGTTTCAATA AAATGCCCTT CTTGTTGGCT AATATCGAGC GCATGTAACA 2280  
 CAGATTTATG TACATTTCTT GCCATTAAGA TATCGCCTTT TTTCTGTGAA AAAGACTGGA 2340  
 10 TGACAGATAA TATTCTTGAA GTGGTGCCAT TCACTAAGAA ATAAGCATCA TAATCTGAAT 2400  
 GTTCTCCAC CTGCTTCATA CTTTCCAAA TGA CTCTCTTC AGGATGATGT AAATCAnCTn 2460  
 AATCCAGGTA TTTCACTTTT ATCCATTGTC ATTGATAATT GAGATAAATG ACCGATAGTC 2520  
 15 ATATTTTTAT GACCCGGAAC ATGCAAAGAA ATCGCTTCTT CTTGATTTAA ACTTTCTAAT 2580  
 TTATTTAAAA TAGGTTGCTT CATGATATAC GCTTCCTTTA TTTACTGT TTTGGAATTA 2640  
 GTTACTTTCA AAAGTATTAA TTATATAGTA ACACTTCTTT GACAAAAGTT AGTGTTACTT 2700  
 20 ATGCAATAGC TTGTCTATTG TATAATAATT AATTTCTTTT TTGTACTTCG ATTTAAAAGA 2760  
 TATTAGACAT AAAATCTAAA AACAGCAGTA AGATGATTTA TGATTAAAA CTATCTTACT 2820  
 25 GCTGTTCACT TTTTATAATA CTTCTGAATG TCTTCACTTA TACTTCTAGT CACAGATTTA 2880  
 AATAATCAAA AGTGCACATT ATTAAAATAT CAATTTTACA CTCAATGCGG CTCATCGCAT 2940  
 TCATTTCTTG TCTAGCAACG TTCTACTCTA GCGGAACGTA AGTTAGCTAC CATCCTCGCT 3000  
 30 AAGAACCTTT CTTGACTTGT GACAATCGCT TGCTTCTTTC CTCTCCTTCG GCTCTCGCTT 3060  
 ACTCATTTAG CTCTACTAAA CTCGTTGCGC TCTTTTCTCG TTTTCGTCAGA TTCAAACGTT 3120  
 TTCACTTCGC CAAGCCATTT TTCTTTGTGT TTTTGTGTTA TTTTGACGTT TTAGACATAA 3180  
 35 AAAAAGAGAC CTCACGGTCT CAACTTGCCT GGCAACGTTT TACTCTAGCG GAACGTAAGT 3240  
 TGGCTACCAT CGTCGCTAAA GACCTTTCTT GACTTGTGAC AATCGCTTGC TTCTTTCTCTC 3300  
 TCCTTCGGCT CTCGTTACT CATTTAGCTC TACTAACTC GTTGGCTCTT TTTCTCGTTT 3360  
 40 CGTCAGATTG AAACGTTTTT ACTTCGCCAA GCCATTTTTT TTTGTGTTTA CTTTTATTTT 3420  
 TGACGTTTTA GTCATAAAAA AAAGAGACCT TGCGGTCTCA ATGCGGCTCA TCGCATCCAT 3480  
 45 TTTTGCCTG GCAACGTTCT ACTCTAGCGG AACGTAAGTT GGCTACCATC GWCCTAAGa 3540  
 ACCTTTCTTG ACTTGTGACA ATCGCTTGCT TCTTCTCTT YCTTCGGCTC TCGCTTACTC 3600  
 ATTTAGCTCT ACTAAACTCG TTGCGCTCTT TTCTCGTTTC GTCAGATTCA AACGTTTTCA 3660  
 50 CTTCCGAAG CCATTTTTCT TTGTGTTTGC TTTTATTTT GACGTTTTAG ACATAAAAAA 3720  
 AAGAGACCTT GCGGTCTCAA TGCGGCTCAT CGCATCCATT TTTGCTCTG CAACGTTCTA 3780

CATGGGAACA GGTGTGACCT CCTTGCTATA GTCACCAGAC ATATGAATGT AATTTATACA 3900  
 TTCAAAACTA GATAGTAAGT gAAAAGTGGa TTTTGCTTCG CAAAACATTT ATTTTGGATT 3960  
 5 AAGTCTTCGA TCGATTAGTG ATTCGTGCAG CTCCACATGT GCACCATGCT TGCCACCTCG 4020  
 GAACCTATT 4029

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 302:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 302:

20 GATGCAATAG TTGAGTAGTT ATAAGTAGCT ACATACAACC GCTCAAAATAT AGGTTCAAGA 60  
 ACATTTTTTAA TGAAGAAAGC GATTTTCCcm CAGAGTGCAA ACGCTTGACT CAATAACGAA 120  
 ATGTCACCTA TGTATGGCGT GACTTATTAT ACAGGaGGTG CAAAGTATGT TTGCTATTAT 180  
 25 TGAAACAGGT GGAAAACAAA TCAAAGTAGA AGAAGGTCAA GAAATCTTCG TTGAAAAATT 240  
 AGACGTAAAC GAAGGAGATA CTTTTACATT TGATAAAGTA TTATTGTAG GTGGAGATTG 300  
 AGTTAAAGTT GGAGCGCCAA CAGTTGAAGG TGCAACAGTT ACTGCTACTG TTAATAAACA 360  
 30 AGGTGCGCGT AAAAAAATCA CTGTATTAC ACATAAAGT CGTAAAAATT CAAAACGTAA 420  
 AAAAGGCCAT CGTCAACCAT AACTAAATT AACATCGAT AAAATCAACG CGTAATTATT 480  
 ATGATTACTG TTGATATTAC AGTTAATGAT GAAGGCAAAG TAACAGACGT TATTATGGAT 540  
 35 GGCCATGCTG aCCATGGTGa ATATGGTCAT GATATCGTTT GTGCTGGAGC TTCaGCTGTA 600  
 TTGTTTGGTA GTGTTAATGC GATTATAGGA TTGACATCTG AGAGACCAGA TATCAATTAT 660  
 GACGACAATG GTGGTCATT TCATATAAGA AGCGTTGATA CAAACAACGA TGAAGCGCAA 720  
 40 CTAATTCTTC AAACAATGCT TGTGTCTTTA CAACTATTG AAGAAGAATA TAATGAGAAT 780  
 ATTAGATTAA ATTATAAGTG AGGTGCATTG CGATGTTAAA ATTAACTTA CAATTCTTCG 840  
 45 CATCTAAAAA AGGGGTAAGT TCTACAAAAA ACGGACGTGA CTCTGAATCA AAACGCTTAG 900  
 GTGCTAAACG TGCTGACGGT CAATTCGTAA CAGGTGGTTC AATTTTATAT CGCCAACGTG 960  
 GTACTAAAT TTACCCTGGT GAAAATGTAG GTCGTGGTGG CGATGATACA TTATTCGCTA 1020  
 50 AAATCGACGG CGTTGTTAAA TTCGAACGTA AAGGTCGCGA CAAAAACAA GTTCTGTAT 1080  
 ATGCAGTAGC TGAATAATTT TGTCTAGTTA ACACCAGAAG TGAATCTTCT GGTGTTtTTT 1140

	AGACGTTATA CTAAATGTGC AcTGTATAAG AGCCCCTAAT CACTAAACTA TAAGGGGGAC	1260
	AAAGGAATAC AGTTGCAGCG TTAAAGAAT AAACGTACC ACAATTGGTG CTGAGAAATA	1320
5	TAAGTATTTT AAAGCAAAGA TTTATAAAG TAACTGCATA AGAGCCCCCTA ATTATTTACA	1380
	ATATATAAGG GGCTCTAATA TGCTATAATT ATTGGGAAAA TGAAAATTAT ATGTAAAAGA	1440
10	GGTGAGATAT ATGTTTGTCTG ATCAAGTCAA AATATCTCTT AAAGCCGGTG ATGGTGGTAA	1500
	TGGTATTACC GCATACAGAA GAGAAAAATA TGTACCATT. GGTGGACCAG CTGGCGGTGA	1560
	CGGTGGTAAA GGTGCTTCAG TCGTATTTGA AGTGGATGAA GGTTTAAGAA CGTTATTAGA	1620
15	TTTTAGATAT CAACGTCATT TTAAAGCAAG CAAAGGTGAA AATGGCCAAA GTAGTAATAT	1680
	GCATGGTAAA AATGCGGAAG ATTTAGTATT AAAAGTTCCA CCTGGTACAA TTATTAAAAA	1740
	TGTTGAAACA GACGAAGTGT TAGCAGATCT TGTGAAGAT GGTCAAAGAG CTGTAGTAGC	1800
20	GAAGGGCGGT CGAGGTGGCC GAGGTAATTC ACGTTTTGCA ACACCTAGAA ACCCTGCACC	1860
	TGACTTCAGT GAAAAAGGTG AACCAGGTGA GGAATTAGAT GTATCTTTAG AATTGAAATT	1920
	ATTAGCTGAT GTAGGATTAG TAGGTTTCCC TAGTGTGGGT AAATCGACTT TATTATCTAT	1980
25	CGTTTCAAAA GCTAAGCCTA AAATTGGGGC ATATCATTTT ACAACGATTA AACCAAATCT	2040
	AGGTGTTGTT TCAACGCCTG ATCAACGTAG TTTGTATTG GCAGATTTAC CAGGTTTAAT	2100
	TGAAGGTGCA TCTGATGGCG TTGGATTAGG ACATCAATTT TTAAGACATG TAGAGAGAAC	2160
30	AAAAGTTATT GTTCACATGA TTGATATGAG CGGTTCTGAA GGTAGAGAAC CTATTGAAGA	2220
	TTATAAAGTC ATTAATCAAG AATTAGCTGC GTACGAGCAA CGTTTAGAAG ATAGACCTCA	2280
35	AATCGTAGTA GCTAACAAGA TGGATTTACC TGAATCACAA GATAATTTAA ACTTGTTTAA	2340
	AGAAGAAATT GGCGAAGATG TGCCAGTTAT TCCAGTTTCA ACAATAACGC GTGATAATAT	2400
	TGATCAATTA TTATATGCAA TAGCAGATAA ATTAGAAGAA TATAAAGATG TTGACTTCAC	2460
40	AGTTGAAGAA GAGGAGTCAG TTGGCATTAA CCGAGTATTA TATAACATA CACCGTCACA	2520
	AGATAAATTT ACAATTTCAA GAGATGATGA TGGTGCTTAT GTGGTAAGTG GTAATGCTAT	2580
	TGAAAGAATG TTTAAATGA CTGACTTTAA CAGTGATCCA GCAGTACGTC GATTGCTCG	2640
45	TCAAATGCCG TCGATGGGTA TTGATGATGC GCTTAGAGAA CGTGGTTGTA AAAATGGTGA	2700
	TATCGTTAGA ATTCTTGCGG GAGAATTTGA ATTCTGTGAA TAGGAGCGAA ACATGATGGA	2760
	CAATAAAGAT TATAAAAAGT TTTATTTAAT TAGAGAAGAT GTCTTGCCTG AATCCGTGGT	2820
50	TAAACATTG AAGATTAAAG ATGCCTTAAA AAGTGATCCG ACATTGTCCA TTTATGATGC	2880
	CGTTAAACAG TTTGATCTAT CTAGAAGTGC TTTTATATAA TATAGAGAAA CGATATTTCC	2940

55

	TGTTGGTATG TTGGCACGTG TACTAGATGT TATATCAAAG TTAGAACTAT CTGTATTAAC	3060
	GATTCATCAA AGTATTCCAA TGGAAGAAAA AGCAACAATA ACATTATCAC TGAATGCTAA	3120
5	ATCTAAAGAA ACTTCAGTAG AAGATGTTAT TGGCGCTTTG AGAAATTTAG ATTATGTATC	3180
	AAAAGTAGAA TTAATTAGTA TGAGTATGTA AGGATGTGCC TATAATGTAC GCGTATGTCA	3240
10	AAGGTAAGTT AACACATTTA TATCCTACAC ACGTAGTTGT TGAAACTGCT GGTGTTGGTT	3300
	ATGAAATTCA AACACCAAAT TCTTATCGTT TTCAAAAGCA TCTAGATCAT GAAGTTTTAA	3360
	TTCATACATC TTTAATTGTT CGTGAAGATG CACAATTATT GTATGGATTT AGTAGTGAAG	3420
15	AAGAGAAAGA TATGTTCTTG AGTTTAATTA AAGTTACTGG TATTGGTCCG AAATCAGCTT	3480
	TAGCTATTTT AGCGACAAGT ACGCCTAATG AAGTAAAACG TGCCATTGAA AATGAAAATG	3540
	ATACGTATTT AACTAAATTC CCAGGAATTG GTAAGAAAAC GGCAAGACAG ATTGTCCTAG	3600
20	ATTTAAAAGG TAAAGTGAAA ATTACTGAAG AAGATAGCGA TTCATTATTA CAAGTAGACG	3660
	CTACTTCGAC GGTGCAAGAT CAATTCGTGC AAGAAGCAAT GTTAGCGTTA GAAGCATTAG	3720
	GTTATTCTAA ACGAGAGCTT GCAAAAGTTG AGAAAACGTT AAATAAAAAT AAATATGACT	3780
25	CAGTTGATGA AGCTGTTAAG GCAGGTCTTC AATTAGTTGT ATCTTAATTT TAAATAGATT	3840
	AATAGGGGAA GTGTTGTCAT GAATGAGCGT ATGGTTGATC AATCAATGCA TAGTGAAGAA	3900
	ACTGATTTTC AATTGTCGCT TAGACCTACG AGATTACGAC AATATATTGG TCAAAATTCA	3960
30	ATAAAAAGTA ATTTAGAAGT ATTTATTAAA GCGGCTAAAC TTCGTCATGA ACCATTAGAT	4020
	CATGTATTGC TTTTGGCCCC CCCTGGATTA GGTAAGACAA CATTATCTAA TATCATTGCC	4080
35	AATGAAATGG AAGTTAATAT ACGTACAGTA TCAGGGCCTT CATTAGAAAG ACCTGGTGAT	4140
	TTGGCTGCAA TTTTATCAGG ACTTCAACCT GGAGATGTTT TGTTTATTGA TGAAATACAC	4200
	AGACTGAGTA GTGTTGTTGA AGAAGTGTTA TACCCTGCAA TGGAAGATTT CTTTTAGAT	4260
40	ATTATCATTG GTAAAGGCGA TGAGGCTAGA AGTATCCGTA TCGACTTACC TCCATTCACT	4320
	TTGGTAGGTG CAACAACGCG AGCTGGCAGC TTAACAGGTC CACTAAGGGA TCGATTTGGT	4380
	GTGCACTTAA GATTAGAATA TTATAACGAA TCAGATTTAA AAGAAATCAT TATTAGAACA	4440
45	GCTGAGGTTT TAGGCACAGG TATTGATGAA GAAAGTGCCA TTGAACCTGC TAAACGTTCT	4500
	AGAGGGACTC CAAGAGTAGC AAATCGACTA TTGAAGCGGG TAAGAGACTT CCAGCAAGTG	4560
	AATGAAGATG AACAAATATA CATTGAAACA ACGAAGCACG CATTAGGTTT ACTTCAAGTT	4620
50	GATCAACACG GACTAGATTA CATTGATCAT AAAATGATGA ACTGTATTAT TAAGCAGTAT	4680
	AATGGCGGAC CTGTTGGTTT AGATACGATT GCCGTAACAA TTGGTGAAGA ACGTATTACA	4740

55

	GGCAGAAAAG CAACACCATT AGCTTATGAA CATTTTGCAA AGTCGAATGA GGAGAGAGAA	4860
	TAACGTGAAT ATTGAAGAAT TTGACTATGA CTTACCAGAA TCATTAATTG CTCAAACGCC	4920
5	TTTAAAAGAT CGTGATCATA GTCGTTTATT AGTCATGGAT AGAGAAACTG GTGAAATGAA	4980
	ACATTTACAT TTCAAAGATA TCATTGAGTA TTTTAGACCT GGTGATACAT TAGTGCTTAA	5040
10	CGATACGCGA GTAATGCCAG CTAGACTTTT TGGTTTAAAA GAAGAAACTG GTGCAAAAGT	5100
	TGAAATGTTA ATGTTAACTC AAATTGAAGG TAATGATTGG GAAGTCTTAC TGAAACCAGC	5160
	TAAGCGTATT AAAGTTGGTA ATAAATTGAA TTTTGGTAAT GGCAAAATTA TAGCTGAATG	5220
15	CATAAAAGAA ATGGATCAAG GTGGACGCAT CATGCGTTTA CATTATGAAG GTATTTTACA	5280
	AGAAAGATTA GATGAATTAG GGGAAATGCC ACTGCCACCA TACATCAAAG AACGTTTAGA	5340
	TGATCCAGAT CGTTATCAAA CAGTTTACGC TAAAGAAAGT GGTTCAGCGG CAGCACCAAC	5400
20	AGCAGGATTA CATTTTACTG ATGAGTTATT AATTGAAATT AAAAATAAAG GTGTTAATAT	5460
	CGCATTTGTT ACATTACATG TTGGGTTAGG TACGTTTAGA CCGGTGAGCG TAGACGATGT	5520
	GAATGACCAC GAAATGCATA GTGAATATTA TCAAATGACm CAAGAAACAG CTGATTTATT	5580
25	AAATGATACT AAGcCAAAGG ACATCGCATT ATATCAGTTG GTACAACCTC AACACGTACA	5640
	CTTGAAACAA TTCGACGCGA TCATGATAAA TTTGTTGAAA CGAGTGGCTG GACTAATATA	5700
	TTTATTTATC CAGGATTTGA TTTTAAAGCA ATTGATGGCC AGATTACTAA TTTTCATTTA	5760
30	CCAAATCAA CATTAGTTAT GCTAGTATCA GCGTTTAGTA GTCGTGAAAA TGTTCTGAAT	5820
	GCTTATAAAA CGGCAGTAAA TTTAGAATAT AGATTCTTTA GTTTTGGCGA TGCAATGTTA	5880
35	ATTATATAAA AAGAATGTGA GGATTTTGAA TATGCCTGCA GTAACATACG AACACATTAA	5940
	AACTTGTAAG CAATCAGGTG CGCGTTTAGG TATCGTGCAC ACACCACACG GTTCATTTGA	6000
	AACACCTATG TTTATGCCAG TTGGTACTAA AGCAACCGTT AAAACAATGA GTCCAGAAGA	6060
40	GTTAAGACAA ATTGAAGCAA AAATCATTTT GGGCAACACA TATCATTTGT GGTTACAACC	6120
	CGGAAATGAT ATTATCAAAC ACGCTGGGGG ATTACATAAA TTCATGAATT GGGATGGTCC	6180
	GATTCTTACA GATTCAGGCG GTTCCCAAGT GTTTAGTTTA AGTAATTTAC GTAAAATTAC	6240
45	AGAAGAAGGC GTGGAATTTA GACATCATAC TAATGGGTCT AAATTATTTT TGAGTCCTGA	6300
	GAAATCAATG CAAATTCAAA ATGATTTAGG ATCTGATATT ATGATGGCAT TTGATGAATG	6360
	TCCACCGATG CCTGCTGAAT ATGATTATGT AAAAAAATCT ATTGAACGTA CAACACGTTG	6420
50	GGCGAAAAGA TGTCTAGATG CACACCAAAG ACCTGAAGAT CAAGCATTGT TCGGCATTAT	6480
	ACAAGGTGGC GAATATGAAG ATTTAAGAGA ACAAAGTGCA AAGGATTTAG TAGAATTAGA	6540

55



EP 0 786 519 A2

AATGGTTGAA CATAcAGAGC AGTTTATGCC TAAAGATAAA CCAAGATATT TAATGGGTGT 6660  
 AGGATCTCCa GATGCGTTAA TCGAATGTAG TATTCCGGC ATGGATATGT TTGATTGTGT 6720  
 5 CTTACCGACA CGTATTGCCA GAAATGGTAC TTGTATGACA TCGCAAGGTC GTTtagTTAT 6780  
 TAAAAATGCA AAATTTGCAG ATGATTTAAG ACCGTTAGAT GAGAATTGTG ACTGTTATAC 6840  
 ATGTCAAAAC TATTCAAGAG CGTATATACG TCATTTAATC AAGGCAGAGG AAACTTTTGG 6900  
 10 TATTCGTCTT ACTACTATTC ATAATTTACA TTTTCTGCTA AAATTAATGG AAGATATAAG 6960  
 ACAAGCCATT CGAGAAGATC GTCTTTTAgA TTTCAAGAA GAATTCCTCG AGCAATATGG 7020  
 15 ATTAAATGTT GAGAACCCAA AAAACTTTTA AGCAAGAGGA GCGTATAAAA TGCAATTTTC 7080  
 ATTACTAATA TATATAGTCG TAATTTTTGC GGTATGTAT TTCTTGATGA TCAGACCACA 7140  
 ACAAAAACtG TGCGAAACA 7159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 303:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3159 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 303:

TCCATTTATA GAAATTTCTA AAGCAGAnAA TAAGATAGAA GATATCGGCC AAGGTGCAGA 60  
 AATCATCAAA AGAACACAAG ACATTACTAG CAAACGATTA GCTATAACTC AAAACATTCA 120  
 35 ATTTGATTTT GTAAAAGATA AAAAATATAA CAAAGATGCC CTAGTTGTTA AGATGCAAGG 180  
 CTTcATTAGC TCTAGAAcAA CATATTcAGA CTTAAAAAAA TATCCATATA TTAAAAGAAT 240  
 GATATGGCCA TTTCAATATA ATATCAGTTT GArAACGAAA GACTCTAATG TTGATTTAAT 300  
 40 TAATTATCTT CCTAAAAATA rAATTGATTC AGCAGATGTT AGTCAGAAAT TAGGCTATAA 360  
 TATCGGCGGA AACTTCCAAT CAGCGCCATC AATCGGAGGC AGTGGCTCAT TCAACTACTC 420  
 TAAAACAATT AGTTATAATC AAAAAAACTA TGTTACTGAA GTAGAAAGTC AGAACTCTAA 480  
 45 AGGTGTTAAA TGGGGAGTGA AAGCAAATTC ATTcGTTACA CCGAATGGTC AAGTATCTGC 540  
 ATATGATCAA TACTTATTtG CACAAGACCC AACTGGTCCA GCAGCACGAG ACTATTTCGT 600  
 50 CCCAGATAAT CAACTAcCTC CTTTAATTCA AAGTGGCTTT AATCCATCAT TTATTACAAC 660  
 ATTGTcACAC GAAAGAGGTA AAGGTGATAA AAGCGAGTTT GAAATcACTT ACGGCAGAAA 720  
 CATGGATGCT ACATATGCTT ACGTGACAAG ACATCGTTTA GCCGTTGATA GAAAACATGA 780

EP 0 786 519 A2

	AAAAATTAAA AGCATCACAC CTAAGTAAAC AGTTCaATCA TCTTAAAAAA TCCTGGGACA	900
	CTTCATACTT GTCTCAGGAT TTTTmACAA ATTGAATCAG CCTCATAACA TTAAATTATT	960
5	TTATCGTACA TTAAATTTAA TAATAACAAC TGATTTTTAT AAGAATAAAG TATCGAmCCA	1020
	TAGTAGATAC ACAAATAATA CAAATGAAAC AATTAACTT GAAAGCTTAa ATAAATATTA	1080
	TCAAGTTAAT AAACAATTAA TTTTtagATG GATTCATCAA AAATCGTAAA AAAGCACAAT	1140
10	TTGTATTTTA CAAACATTAA TTAAAAAGA AAGCAAGACA TTCGTGCAAT CGGTTACCTT	1200
	AAATTGTTTA CAACTGTCAA CAATACCAAG GTTTTATTAA CTATATTTCT CACAAAATTA	1260
	GCTTTTAGCA TTCCAAACAA AAAAGGTTAA ATCGAACGGA ATTATGGCAT TTTTAACTTA	1320
15	ATTGTAAAAA AAGTTGATAA TGGTCAATTG TTAATGAACA GTTAATTATA ATAACGCCCA	1380
	AAATATATTA TTATTTAATT AAGTTAAATA AAATTATAGA AAGAAAGTGA AACTTATGCT	1440
20	TAAAAATAAA ATATTAACTA CAACTTTATC TGTGAGCTTA CTGCCCCCTC TTGCCAATCC	1500
	GTTATTAGAA AATGctAAAG CTGCTAACGA TACTGAAGAC ATCGGTAAAG GAAGCGATAT	1560
	AGAAATTATC AAAAGGACAG AAGATAAAAC AAGTAATAAA TGGGGCGTGA CTCAAATAT	1620
25	TCAATTTGAT TTTGTAAAGG ATAAAAAATA TAACAAAGAT GCTTTGATAT TAAAGATGCA	1680
	AGGATTCATT AGCTCTAGAA CAACATATTA CAACTATAAA AAACTAATC ATGTTAAAGC	1740
	TATGCGATGG CCATTCCAAT aTaATATTGG TTTAAAAACA AATGATAAAT ATGTTTCTTT	1800
30	AATTAATTAT TTACCTAAAA ATAAAATTGA ATCTACAAAC GTGAGTCAGA CATTAGGATA	1860
	CAATATCGGT GGTAATTTCC AATCAGCCCC ATCACTCGGT GGTAAATGGAT CATTTAACTA	1920
35	TTCTAAATCG ATTAGCTATA CACAACAAAA TTATGTAAGT GAAGTAGAAC AACAAAACTC	1980
	AAAAAGTGTT TTATGGGGCG TCAAAGCGAA TTCATTGCGC ACTGAATCAG GTCAAAAATC	2040
	AGCCTTTGAT AGCGATTTAT TTGTAGGCTA CAAACCTCAT AGTAAAGATC CTAGAGATTA	2100
40	TTTCGTTCCA GACAGTGAGT TACCACCTCT TGTACAAAGT GGATTTAACC CTTCATTAT	2160
	CGCCACAGTA TCTCATGAAA AAGGTTCAAG CGATACAAGC GAATTTGAAA TTACTTACGG	2220
	AAGAAACATG GATGTCATC ATGCCATTAA AAGATCAACG CATTATGGCA ACAGTTATTT	2280
45	AGACGGACAT AGAGTCCATA ATGCATTTGT AAATAGAAAC TATACTGTGA AATACGAGGT	2340
	CAATTGGAAG ACTCATGAAA TCAAGGTGAA AGGACAGAAT TGATATGAAA ATGAATAAAT	2400
	TAGTCAAATC ATCCGTTGCT ACATCTATGG CATTATTATT ACTTTCTGGT ACTGCTAATG	2460
50	CTGAAGGTAA AATAACACCA GTCAGCGTAA AAAAAGTCGA TGACAAAGTT ACTTTATACA	2520
	AAACAACAGC CACAGCAGAT TCTGATAAAT TTAAATTTT ACAGATTTTA ACATTTAATT	2580

55

EP 0 786 519 A2

	ACTCAGGCTT TGTGnAACCT AATCCTAATG ACTATGACTT TTCAAAATTA TATTGGGGAG	2700
	CTAAATACAA TGTATCTATA AGCTCACAAT CTAATGATTC AGTAAACGTC GTTGATTATG	2760
5	CACCAAAAAA TCAAAATGAA GAGTTTCAAG TTCAAAATAC TTTAGGCTAT ACATTTGGTG	2820
	GTGACATTAG TATCTCTAAT GGTTTATCTG GTGGACTTAA TGGAAATACA GCTTTTTCTG	2880
10	AAACAATTAA TTATAACAA GAAAGTTACA GAACAACATT AAGTCGCAAC ACAAATTATA	2940
	AAAATGTTGG CTGGGGAGTT GAAGCACATA AAATTATGAA TAATGGTTGG GGACCTTATG	3000
	GAAGAGATAG CTTCCACCCA ACATATGGTA ATGAACTCTT CTTAGCTGGC AGACAAAGCA	3060
15	GTGCATACGC TGGCCAAAAC TTCATAGCGC AACACCAAAT GCCATTATTA TCTAGAAGTA	3120
	ACTTCAATCC AGAATTTTTTA AGCGTACTAT CACACAGAC	3159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 304:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3821 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 304:

30	GCAAAAACCTT TTCTCCAACCT ATGTCAGACT ATAATGGCAT GAACAAAATT GATATGATGA	60
	ATCAAATTAA AGTTGATACG ATGTTGCATG GTTATCACGC TGGATTTTTA TTTGCATTAT	120
	TGATTACAGT TGTTAGTTTC TTTTGTTTCAT TTATGTTACA AGGTAAGAAA AAAGAAGTTG	180
35	ATTCTCGTCA ATAAATATAA GTTGCTAGCT ATATAAAGCT TTTTAGCAAA AGTTCAACAT	240
	ATTGACTTAT CCGGCATTTT AGATTAAAAT ATTTTTATTC CGATTAGAAT AATAAGAATA	300
	AGGAGATATA TTCTATGAAA AGACTTTTAT TTGTGATGAT AGCTTTTCGTT TTCATATTGG	360
40	CTGCATGCGG AAACAATTCTG TCGAAAGACA AGGAAGCTAG TAAAGATAGC AAGACAATTA	420
	ATGTTGGGAC TGAGGGGACT TATGCACCAT TTAGTTTCCA CGATAAAGAT GGTAAATTAA	480
45	CTGGTTACGA TATTGATGTT ATTAAAGCAG TGGCTAAAGA AGAAGGTTTA AAACTTAAAT	540
	TTAATGAAAC TTCTTGGGAT TCTATGTTTG CAGGTTTAGA CGCAGGGCGT TTTGATGTAA	600
	TCGCGAACCA AGTAGGTATT AATCTGATA GAGAAAAGAA ATATAAATTT TCTAAGCCTT	660
50	ACACATTCTC AAGTGCTGTT TTAGTTATTC GTGAAAATGA AAAAGATATT AAAGATTTTG	720
	ATGATGTTAA AGGTAAGAAG TTAGCACAAA CATTACATC TAATTATGGT AAATTAGCTA	780
55	AGGATAAAGG TGCTGATATT ACAAAGTTG ATGGCTTTAA CCAATCAATG GATTTATTAT	840

	AAAAACCTAA TGcTAAGATC AAAGCAATCA AAGGTAATGC TGAACAAAGT AGATCTGCAT	960
	TTGCATTTTC TAAAAAGCA GATGATGAAA CAGTTCAAAA ATTCAATGAT GGCTTGAAAA	1020
5	AAATCGAGGA AAACGGTGAA TTAGCTAAAA TAGGTAAGAA ATGGTTTGGT CAAGATGTTT	1080
	CTAAATCTAA ATAGCGAACA ACAACATGCG CTAGATGCTG CAAAACAAGC TTTCCGACCT	1140
	ATGCTAGAAG GTTTGGTCAA ATATTCAATT CCTATTACAT TAGTTACATT TGTTTTAGGA	1200
10	TTGATTATTG CATTATTTAC AGCATTAAATG CGAATTTCAA CGAGTAAAAT TTTAAGAAGT	1260
	ATTTACAGTG TCTATGTATC TATTATTCGA GGAACACCAA TGATAGTACA ACTATTTATC	1320
15	ATATTTTATG GTATTCCAGA ATTAGGTAGA TTATTAACAA ATGACGCTGA CAACCAATGG	1380
	ACATTGGCAC CTGTAGTGGC TGCTATTATT GGTTTATCAT TAAATGTAGG TGCGTATGCT	1440
	TCGGAAATTA TTCGTGGCGG TATTATTTCT ATACCGAAAG GACAAACAGA AGCTGCaTAT	1500
20	TcCaTCGGTA TGACGTATGG TCAAACGATA CAACGTATCA TTTTACCGCA GGCAATTCGA	1560
	GTGTCGATTC CTGCACTAGG TAATACATTT TTAAGTTTAA TCAAAGATAC ATCATTATTA	1620
	GGATTTATTT TAGTGGCTGA AATGTTTAGA AAAGCTCAAG AAGTTGCGTC TACAACATAT	1680
25	GAATATTTAA CAATTTATGT GTTAGTTGCG CTAATGTACT GGGTGGTATG CTTTATTATT	1740
	TCAATTATCC AAGGTATCTA TGAATCTTAT ATTGAAAGAG GGTATCGCTC ATGATTCAAT	1800
	TGAACAATAT CCATAATCA TTTAATGATG TTGAAGTCAT CAAAGGTATT GATTTATCTG	1860
30	TTGAACAAGG TGAGGTTGTA ACCTTAATCG GTCGATCTGG TTCAGGTAAA ACAACATTGT	1920
	TACGTATGAT TAATGCATTA GAAATTCCAA CTGAAGGTAC AGTTTATGTT AACCGCAAAA	1980
35	CATATACATC TAAAGATAAA AAATCACAAA TAGAAGTTCG TAAACAGTCT GGTATGGTAT	2040
	TTCAAAGTTA TAACCTTTTT CCGCATAAGA CGGCATTAGA AAATGTAATG GAAGGTCTTA	2100
	TCAcAGTTAA AAAGTTGAAA AAGGATGAGG CACGTGGGAA ATCACTTGAG TTACTTGAGA	2160
40	AAGTTGGTTT AACACATGTC AAAGATCAAC GTCCACATGC ATTATCAGGT GGTCAACAAC	2220
	AACGTGTTGC TATTGTCAAG AGCACTAGCA ATGAACCCTA AAGTGATGTT GTTTGATGAA	2280
	CCAACATCTG CACTTGATCC TGAACCTGTG AATGATGTTT TAAAGGTTAT TAAAGATTG	2340
45	GCTAATGAAG GCATGACAAT GGTCAATGTG ACACATGAAA TGCGTTTTGC TAAAGAAGTA	2400
	TCTAATAACA TTGTATTTAT TcmTGAAGGC ATGATCGGAG AACAAGGGGC TCCAGAAGAG	2460
50	ATGTTCAATC GTCCGAAAC AGAAGAATTA AGACGTTTCT TAAATGTTAT AAATGAAGAA	2520
	TAATCAAATA GAACCACGTA TCATGTTTTA GTATGGCGAT GAAGCCATAT ACATGATGCG	2580
	TGGTTCTTTG TTATGTTGTC ATAATCTTGG AGCGATATTT TAACGACGTT TATGATTTAA	2640

55

TTCTACATGT GCGTTAAAC CTTTTTTGAA TTGTTGGACG CCATAGTCTT CTGATGACTC 2760  
 TGAAAAGTCA CCGTAATAC CATAAAATT ATAGCGATCA ATATGATGCG CTTTAGCAAA 2820  
 5 CTTAATCATT TCCCaCTGCA AATGGTAGGC ACCCATATAA GCATTATATT TAGGGTTTGA 2880  
 ACCACTAGAT AAGTAATAAA CTTCATGCTC ATTGTAGATA AATAAAGCAG AAGCTAAGTT 2940  
 10 TAAGACTGCA CCATCTTGTT CAATTTGTTT TATTGTATTG TCGATTTTAC GCTTATTGCT 3000  
 ATTTAGCTGT TGTCTAGCT GTGTGCGTTT CGTTTTATTT TTCTTTGAAT TAGGACTTTC 3060  
 TTCCAATGCT TCTTCAACAC CTGAGAGTTC AGCTGTTAAT TGTGTGTGCT TTAATTGTAA 3120  
 15 CGTTTTTAA TACTCGTTTA AATCAATATA CGCCAACTTT AACATGGCGT GGTATCGTA 3180  
 TAACTTTTGC ATTTCTTCAA AGTATGGTAA CTCACGGAAT TTGAAACCGT GCTTTTCCTC 3240  
 AGCCATATGG AATAAGTCGA AAAAAGTTTG CGTTTCATCA ATCGTTAAcG TTTTaGTTTT 3300  
 20 GACACCAaTa TCaTATGtT tTtTAATATT ACGTCTCGtT TGATAATCCA TTTCTTTTAA 3360  
 AAGTTGGTCT TCAGTCTTAT CTTTTAAATC TAACACTGAC AGCCAAACGGA TTTGGCTCAT 3420  
 TGAATCATAA CCTACAGGGA AACCTTGGTG TTTATAACCT AATTATCCA TTGTTCTaAC 3480  
 25 AAATGCTCGG TTATCATAAG ATTTAACAAT TTCACCGTCT GCATTGCGTA AATTTTCAAT 3540  
 TAAATATGGA TCTACAAGGA CATATAACA ATTGTGTTTC TTTAAATATG ACGTTAATGC 3600  
 30 TTTAAAGAAA AATGCTACTA ATGATTGATT TGTATAATCC ATCACTGGCC CGCGATGTGT 3660  
 AAAAAAATAT TTGAAAAATT TAAGTGTGCG TGCTTCTGTC AATAAGCATC CTGCAATCAC 3720  
 TTGACCATTG TCATCTTTAA CCCCTACrAG ATGCACATCG CCTTTTAAAT CAACTCTATG 3780  
 35 ATTGTAATGA ATAGCTGATT GTGTGTAATG TGAAAAATGC T 3821

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 305:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 305:

GCGACACCAT TGTTCGAGC AACTGTTAAT TTACCAGTTG ATGGTTTCGA CGGTGTTGTT 60  
 50 GGTTTTGATG GTGTAGTAGG GGTAGTTGTA GATTGCGTAC CCCATGGCGC CACTTTACCC 120  
 ATTTTTATTA AATATTTTTC ATTAATTAAG TCATATAATT GATCATAACT ATAATTATGA 180  
 CTTCTTAAAT ATCCATGTGG ATcGGCATGG TCAGTACCAC CTAAATATTT ACTTACAGCG 240

TATTGTAATT GTGTAGCTGC ATAGTCAGCA TAGTTATTCA TTGAACGTGC AAATGAAGCA 360  
 TAGTCGTGTG TGTGTACGAT TTCAACATTG ATGAATCTAG GGTTACCGAC TGCACCGACA 420  
 5 CCCCAGATA AGTAATCCGT TGGTGCTGTT TCGATTATAC GATCCCCATC AACAAATGCA 480  
 TGTACGAATG CGTTTTGATA GTTATTTTTT ATATAACTAA TTTCAACATT TATCGTCGAA 540  
 CGATCATTAG CTGTATCATG AACTACGATA CCTTCAGGAC GACCTACGCC GTTACGGTAT 600  
 10 GCGTATTTAG GGAAGTAAGA TGTATAATCT TCTTCAATTT TAGGTGCTTT TAAGTTATTT 660  
 TTACAAATGT AATCGTTAAT TGAAGAGTTT ACTTGTGGTT TATATTTTGG CAAACTCGTT 720  
 TTTGGTGTG CAGCAACTGA TCTTGGTTGT GCTGAAGCGC TAAAAGTAGT TACTTTAGGT 780  
 15 GTCGCTTCAG TTTTAGCTTT AGGTGCTGAT GTAGTTGCAG CTTTAGGTGC TCGGTTTTTA 840  
 TATTGCGTYT CAAGAGCTGC AGGTTTAGCA GCTGATTAA TTAATTCTGG ATTAATTTGA 900  
 20 TTTTCTGAAT TATCATCTTC ATCATCAACT AAATAATAAC CAGCATTGT AACATTAGTG 960  
 TTAGTTTTAG GTGCTGTAGT GCTTGTGAC TTTGCAACAG GCTGCGTATT ATTTGTAGTC 1020  
 GCTGATTGAT TAGCAGCAGT GTCACCATTT ACTTGTGCAG TATCAACTTT TTGACTTACT 1080  
 25 TGAGCATTGC CTGTTTTGTT ATTTGCTGTT TTTGGTTGGA CAATAGCAGG GTCTTGATAT 1140  
 ACTTGAGTGC CAGAAATGTT TTGCGTTGGA TTTTTTACCT CAGCTTTTGC TTGTTCACTA 1200  
 GTTGCTTTAA CTTTATTACT ATCTAAAACG TTTTATTAG TAGTTTGATC TTGTGTCGTC 1260  
 30 TCAGCTGCTT GAACTTGATG TGCAGTGACT GCTGAACCTA CAAGCGTTAA TGCAACCATT 1320  
 GAGGTAGTTT GTAATTGAAT TTTTTCGCCA TTCTATTTAT TACTCCyAAC ATTTATTAAT 1380  
 35 TATTACTAAC ATTATAGTAC CTGTTTATA TACCTGTGCG TA 1422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 306:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6076 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 306:

ACGCGTTGGT TATTCAATC ATAATATTAC TCTGCAATA CACAGCCCTG TAACCGAGTA 60  
 AATGGATAGA GATTGAACA AATGAAAACA ATCAACTAAT GGAAAGGATA AAATATTATG 120  
 50 CACAACAATA ATGAATTCAA CAAAAAAGT AAAGATTTTA TAGGTAGCGA TAAACGGATG 180  
 GCTTTAGTAA AGGGTTATGT TAACGAGTAT AAATTAACAA CTGTTTAAAG AGCTTTAAAT 240

## EP 0 786 519 A2

GTAGATAATC GAATTATTCC TAAAAATATA ACTCAAACA CAATCTTCAA ATTGAGTAAT 360  
 TTAACCTTAG AGGTTAACCT CTATGAAAGA AACACAATTT ATCACGGAGA CTTTGCTATT 420  
 5 TACTATCCTG TAGAATCTGC TCTAATAATA GAAACAGATA CTCCTAGGCT AATTAATCAT 480  
 ATAAATAACA ACCCAGTCCA AAAAATATTT ATAATAACAA CAAATGACTG GAGCTTTAAT 540  
 10 ACACTTGaAT TAGAAAAAAT AGTAGACGAA ACTATAATTT ATGATTTAAA ACAAGAAGAT 600  
 CCTAAACAAT ATGAAATTTT ATATAAAAAT AAACACGGAA AATTGCCTTA TTGATGAATT 660  
 AAAACGCAAA CTTAGAACAC CTTACCCCTT TTCCGTCCTT ATTGTAATTT TCCAACTACT 720  
 15 CAAATTAAAA ACCACCCGTG CAAACAGGTG GTTTTATTAT ATATAATTAT TCCCACTCAA 780  
 TTGTGCTTGG TGGTTTTGAT GTAATGTCAT AGACTACGCG GTTGACGTGA TCTACTTCGT 840  
 TTACGATACG ACTAGAAATC TTTTGTAAGA CTTCCCAATC GATGCGTGCG AAGTCACTTG 900  
 20 TCATACCGTC GATAGATGTT ACTGCACGAA TACCTACTGT GTGATCATACT GTACGGTAGT 960  
 CTCCATAAC ACCTACTGAT TGAATGTTTG GTAACACTGT GAAGTATTGC CAAATTTCTC 1020  
 TTTCAAGACC TTCTTCTCTA ATCACTTGGC GTAAATCGC GTCTGATTCT CTAACGATTT 1080  
 25 CTAGTTTATC TTCAGTAATT TCTCCAAGTA CACGAATACC AAGACCAGGT CCTGGAATG 1140  
 GTTGTCTCCA TACTAAATGT TCTGGAATAC CTAACTCAAT ACCTAATTTA CGTACTTCAT 1200  
 CTTTAAACAA TGTATTGATT GGTTCGATTA ATTGGAATTC CATGTCTTCT GGTAATCCAC 1260  
 30 CAACATTGTG GTGTGATTG ATTGTTTGTG CTGTTTATAGT ACCTGATTCTG ATGACGTCTG 1320  
 TATATAGTGT TCCTTGCGCA AGGAAGTCTA CACCTTTCAG TTTTGATGCT TCATCATCAA 1380  
 35 ATACGTATAC AAATTCATTA CCAATGATTT TACGTTTTTG TTCAGGATCT GAAACACCTT 1440  
 TTAATTTATT CATAAAGCGA TCTTTCGCAT TAACACGAAT AATATTCATG TTGAAACCTT 1500  
 CACCGAATTG CTCCATAACC ATGTCGCCTT CACCTTTACG AAGTAAGCCA TGGTCTACAA 1560  
 40 AGATACATGT TAGTTGATCA CCTATTGCTT TATGCAATAG TACAGCTACA ACAGATGAAT 1620  
 CTACGCCGCC ACTCATCGCA CATAATACAC GACGGTCTCC TACGCGTTGA CGAATCTTTT 1680  
 CAATTTGAT TTCGATAAAG TTTTCCATTG TCCATTGACC TCTACAATCA CAAACACGAC 1740  
 45 GGACAAAATT ATTTAATAAA TCATTACCAT ATTCTGTATG ACGTACTTCT GGATGGAATT 1800  
 GAACACCATA AATGCGACGT TTCTTATCTT CGATTGCTGC ATAGTCTGTG CTTGGGCTAT 1860  
 CAGCGATAAC TTCAAAGCCT TCTGGAATTT CAATAACTTT ATCAGAATGA CTCATCCAAA 1920  
 50 CAGTTTGTTT TGCTGGTAAG CCAGCGAATA ACTCATCTGA CTTTCGATTA ATGATTGCTT 1980  
 TACCGTATTC ACGTTCATTG GCACGTTCAA CTTTACCACC TAATAATTTA GTAGTTAATT 2040

55

## EP 0 786 519 A2

	TAAATGAACC	TTCTTCATAA	ACTGAATTTG	GACCACCTGA	TAAGATAATA	CCTTTTGGAT	2160
	TCATTTTCTT	AATTTCTTCA	ATTGAAATTT	CATGATCGTG	TAATTCACTA	TAAACGCCCA	2220
5	TTTCACGAAT	TCGGCGTGTA	ATTAATTGGT	TGTATTGGCT	ACCAAAGTCT	AAGACAAGGA	2280
	TTAACTCTTG	TTCTTTTGCC	ATTTCCATAT	TTGTCGTTCT	CCTTTATCTT	AATTAGAATG	2340
	AGTAGTTCGG	TGATTCTTTC	GTAATTTGAA	TATTATGTGG	ATGGCTTTCT	GCTAAACCAG	2400
10	CAGGACCCAT	ACGTGTAAAT	TGTGCTTCTT	CGCGTAATTC	TCTTAAATCG	TGTGAACCAG	2460
	TATAACCCAT	ACCAGCACGC	ACACCGCCCA	TTAATTGGTA	AATTGTATCT	TGTAACGCAC	2520
15	CTTTATAAGC	CGTACGTCCT	TCGATACCTT	CAGGAACAAA	TTTCTTAGGC	GCTTTGTCCT	2580
	CTTGGAAGTA	ACGGTCGTTT	GAACCTTTTT	CCATCGCACC	TAAAGAGCCC	ATACCACGGT	2640
	ATACTTTATA	TTGCTACCT	TGGAAAATTT	CTGTTGCGCC	TGGGCTTTCT	TCAGTACCTG	2700
20	CTAATAAGCT	ACCTAACATA	ACCGCATGTC	CACCAGCAGC	TAATGCTTTA	ATGATATCTC	2760
	CTGAGAATTT	AATACCACCA	TCAGCAATGA	TAGCTTTACC	ATGTTTGCGT	GCTTCAGTtG	2820
	CACAATCATA	AATTGCTGTA	ATTTGTGGTA	CACCAACACC	TGCTACAACA	CGCGTCGTAC	2880
25	AAATTGAACC	TGGGCCAATA	CCAACTTTAA	CAATATCTGC	ACCCGCTTCA	AATAAATCTT	2940
	TTGTTGCTTC	TGCAGTTGCT	ACGTTACCTG	CTACTAATGT	GATTTCTGGG	TAAGTCTTCT	3000
	TAATATGTTT	CAC TTGATCG	ATAACACCTT	TAGAGTGACC	ATGTGCTGTA	TCGATAACTA	3060
30	AGACATCCAC	ACCTGCTTCG	ACTAATTTTT	GAGCACGAAT	ATCAGTATCT	TTTGAAATAC	3120
	CAATTGCTGC	GGCTACAAGT	AGACGACCAT	GTTTCATCTT	TGCTGCATTA	GGGAATTCCA	3180
35	TAAC TTTTTC	AATATCTTTA	ATAGTAATAA	GACCTTCTAG	ACGTCCGTCT	TTAACTAATG	3240
	GTAAC TTTTC	AATCTTATGT	TTTTGGAGAA	TTTTTCTGCG	TTCTTCAAGT	GTTGTATTCA	3300
	CTGGAGCTGT	AATTAAATt	TCTTGCGTCA	TTACATCTAC	AATTTTAATC	GAGAAGTCTT	3360
40	CAATAAAACG	TAAGTCACGG	TTTGTTAAAA	TACCTACTAA	GTTGCGATCT	TCTTTATTAT	3420
	CAACAATTGG	TACACCTGAA	ATACGGTATT	TACCCATTAA	TGCTTCTGCT	TCATAAACGC	3480
	TTTCTTCTGG	CGTTAAGAAA	AATGGGTTTG	AAATGACACC	ATTTTCTGAG	CGTTTTACTT	3540
45	TTTGAACTTC	GTCCGCTTGT	TCTTCAACGC	CCATATTTTT	ATGAATAACA	CCTAAACCAC	3600
	CTTGACGAGC	CATAGCAATC	GCCATTTTAG	ATTCAGTTAC	AGTATCCATA	CCAGCAGAAA	3660
	TAAGTGAAT	ATTTAATTTA	ACTTTGTCTG	ATAATTGTAC	GCTTAAATCA	ACGTCTTTTCG	3720
50	GTAATAATATC	AGATTGTGCT	GGAATTAATA	ACACATCATC	AAACGTTAAT	GATTC TTTTG	3780
	CAAATTTACT	TTCCACATT	AAAAACAGCC	TCCATTTTTTC	AAATTAATTA	GTTATATTAT	3840

55



## EP 0 786 519 A2

	GCAGAGATTG CGCCTAAAC AATTCCGTTT TGAGTCAACC ATGCAAATTG TTCACCTAAA	3960
	CCTTTAAATG CTTGTGGTAC AGCGCTTATA CCAGTACCTA AtCCTACTGA TACAGCGATA	4020
5	ATTAATAAAT TGTTTTGATT TTTAAAATCG ATATGTCCTA ATATACTAAC ACCATATGCC	4080
	ATTACCATGC CAAACATAGC TATCATCGCA CCGCCTAACA CAGGTAGCGG TATGATATTT	4140
10	GCTAATGCGC CAAGCTTAGG TATACAACCA CATATAAGTA ATAACACGAC CATGCCGTAT	4200
	ATAACATTGT TTTTCTTAGC GCCGGATAAA GAAACAAGTC CTACATTTTG CGAATAGGCT	4260
	GTATACGGAA ATGAATTGAA TATAGAACCT AACACTATCG CTAGACCTTC CGCAGTATAA	4320
15	CCTTTACGAA AATCTTTTCT TTCTAACTTC TTACCGGTAA TTTCACTTAA CGCATGATAG	4380
	ACACCTGTCG ACTCAATTAA ACTAACGATA GCTACAATAA AGAACACTAA CGTCGATGTC	4440
	ACATCAAAGC TAAATCCAGA GAATCTAAAC GGCACCTGGGA TGCCTAACCA ACCGGCATGA	4500
20	TTGACTTGAT TAATATCGAC CATCCCAAGT AAGCCAGCAC CTATCGTTCC TAAAACGAGT	4560
	CCAATTAATA TGGCAATACT CTTAATAAAT CCAGTTGTGA ATCTTTGTAA AAGAAGAATA	4620
	ATGATTAATG TCATTAAACC TAACAAAATG TTCTTAACAT CTCCATAGTC CTTTGCACCT	4680
25	TGACCTCCAG CTAAGTAATT CATTGCTACT GGCATTAAAT TGATACCAAT GATAGTAACA	4740
	ACACTACCCG TTACTACTGG TGGGAAGAAT TTTACAAGAT GTGAAAAGAA AGGCGCGATG	4800
30	ATAATAACTA ATATCCCTGA TAAAAATAGC GAACCATAAA GTACATCTAT TCCTTTCGTT	4860
	TGACCAATTA AAATCATGGG CGCAACAGCC GTGAATGTAC ATCCAAGAAC GATTGGTAAT	4920
	CCTGTTCCTG TTACTTTATT GGCTTGTAAG AATGTGGCAA CCCCACACAT AAATATATCT	4980
35	ACTGTAAC TAAGTACGAT TTGTTTCAGG GTAAACTTCA AACTTGTACC AACAATGATT	5040
	GGAAC TAAGTACGAT GTACATAGCT AAAAGATGTT GAACACTTAG GATTAAATTT	5100
	TTCAATTATC TTCTCCACC AATGTCACTT TGTTTCCTTC TAGTGAAGCA ACCTTGCAGA	5160
40	GAGAAGAAAC TGTTAAACCT GCTTCTTCTA AACGTTGATG CCCATTTTGG AACTCTTTT	5220
	CAACAACAAT ACCAATACCA GCTGTCTTAG CATTGCTTGG CTGTGCGATA TCGTATAATC	5280
	CTAATGAAGC ATCACCATT TCTAAAAAGT CATCGATGAT AAGTACAGTA TCTTCTTCTG	5340
45	ATAAAAACTC TTTTGAAACA ATGACCGTAC TTGTTTATT TTTAGTAAAT GAATGAATAG	5400
	ATGTTTCATA ATAACCATCC GTCAAAGTGC TAGGTTTTCG TTTTTCGCA AATAAACATG	5460
	GCACATCAA ATGCAGTGCA GCCATGATTG CAGGTGCGAT ACCGGAAGCT TCAATGGTTA	5520
50	AGATTTTAGT AATCCCTTTA TCTTTAAATT GTCGTAAAA AGTGCGACCA ACTTCATTCA	5580
	TTAACTTTGC ATCAATTTGA TGATTTAAAA ATCCATCGAC TTTTAAATC TTCTCATCAA	5640

55

ATTTGTGTGA AACATTTTGC TCTTAAATTG GTGCTAGATA CAAAAAATC CCCAAACTAA 5760  
 ATAATAGTTT CAGGGTTTAT GAGTGAACGa ACATGCATAA CGAATTTGTC ATGCAATCAA 5820  
 5 TGTAAAAGAA GTTTCATCAA ATAACTGTG ACCATCATAT AAAATGATAT AAATCACCCA 5880  
 CCATGGTTAC AATTAAATGG CTGAAGCTAC TCCTAGTATT GTGTTGTTAC TCATAGTCAT 5940  
 GTCGTTCAAG GCAACATGGT AGAACTTCT AAAGCCATAT TCTTTAGATT ATATGAGTTT 6000  
 10 ATGTAAATTA TTTAACGATA ATAGCAAATT TTCGGCATT TTTCAATAAC TGCTTAGGTA 6060  
 ATCTTTTAAT AGTTTT 6076

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 307:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6136 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 307:

25 ACCGCCGATT GATAGCTTTA CTGCTGCGAT AAAACTGCCT TCAACAATTG GTGCATCAAC 60  
 TTTTAACACA CGATGATTAC CATCATACAT TTCAATTGCC ATATCTACAT TCATTTCTGA 120  
 AGATCCAATA TCGTAAAAAC ACAATGCATC ATCCTCTAAT TTAGTCAAAA CTTCTTGGAT 180  
 30 GATATCAAAT GAAGTTCCAA TTGAACCATC TGGTAATCCC CCGATTGGTA TAATATCAAC 240  
 GTCACCTGCC ATTTGCTTTA ACAAAGATTT TGTACCACTT GcAATTTCTT TACTGTGGCT 300  
 AACAAGTATA ATTTTAGGCA TTATCTTCAT CTCCAATCAA AGCGTTTAAA ATATAAACCA 360  
 35 TACTTTGAGC ACCTGGATCA ATATAACCTT TTGATTCTTC TCCAAAATAT GCAGCTCTAC 420  
 CTTTCGTTGC TACCATATCT TTTGTATTAT CTGCTAATTG CTGTAAATCA TTGAATGTTA 480  
 40 AAGTTTCACC ATTTTAAAGC TTCTCTGCTG CTCGCGCTAC TACATCATAC ATTGTCTTTT 540  
 CATTTAAAGT AACTTTACCA CGTGATTCAA CCGCTTCGGC AAATGCCTGA ATTAGTGTA 600  
 TGAAATCTTG ATTATCCATA TCATCTTTGG TGAATGCAGA CATTTTAACA AAGCTAAAGC 660  
 45 CATACAGTGG TCCTGATGCA CCCCCAACAT TTGACATCAA TGCCATACCA GTTGATTGTA 720  
 ACAATGATTG CATTGAGCTA TCATCAAGTT TGTCTTTAAG ACTACTAAAC CCACGAACCA 780  
 TGTTAACCCC GTGGTCACCA TCACCAATTG CTCGATCTAA TTCAGTTAAT TCAGATTCAT 840  
 50 GTTTTTTAAA CGTTTCTTCT AAATTTAATA AACGTGCTTT CATATCATTC ACTTTCATTT 900  
 GTGCCACCTC ATAAATGTAT ATTTATTCAT ATTCACCTCT TATTTAAAGT ATTGACTTGT 960

	ACCTTGCATG	TCTAAAGATG	TCATATAATC	ACCAACAAAC	CATTTAGCAA	CATTAACCGT	1080
	TCTTGCAGCT	AAATTTTGT	GAATATATTT	AGTTACGATA	TTTAATTCAG	ATAACGGCGT	1140
5	ACCACCCATA	CCATTTACCA	TTAATATGAC	ATCATTTGGCA	GTAACCTCTT	TATACAATTC	1200
	GTCTAACAAT	GTTCCAACAA	TATGATCAAT	ATCCTTTACT	TCTTCCCTAT	GAATACCTTT	1260
10	TTCACCATGT	ATACCAATAC	CGATTTCCAT	TTTGTCGTCT	TCAATATCAA	AGCCATATTT	1320
	TCCAGTAGTT	GGAACAAGCG	GTGGCTCAAT	TGCCATACCA	ATACTTTTAA	TTTCAGGTAA	1380
	CAACGCTTCT	ACACGCGATT	TTATCTCTGT	TAATGAATAA	CCTTTTTCAG	CAAGATAACC	1440
15	GGCAAGCTTA	TGAACAAACA	CTGTTCTGCG	AACACCACGA	CGTTGTACTT	CGTTTGTAC	1500
	AGCAATGTG	TCACGAACAA	TAACAGTTTG	AACATTTATA	CCTTCCATTT	CTGCAAGCTC	1560
	TTGTGCCATT	TCGAAATTCA	TCACGTCACC	TGCATAGTTT	TTTACAACCTA	GTAATACACC	1620
20	ATCACCAGTA	TCTACTGCTT	TAATAGCTTC	TAATATTTTA	TCAGGTGTAG	GTGATGTAAA	1680
	TACTTCGCCA	CAAACCGCTG	CATCTAGCAT	ACCTTCTGCA	ACAAAACCGG	CATGCGCAGG	1740
	TTCATGTCCG	CTTCCACCTC	CAGAGACTAT	TGCTACACCA	TGTTCTTTCT	TAGCTTTTTT	1800
25	TACAATAACT	GTATTAGCAA	TCAGATCTAA	CTCTGGGTGC	GCAATTAAACA	ATCCTTCAAG	1860
	CATATCAGTT	AAAAATGTTT	CTTTTTTATT	GATTAACTTT	TTCATCATGT	TGTACCTCCT	1920
30	TGGTATTATC	AGTCATAGTA	TAAACAGAA	TAAATGAATG	CGCTATCATA	AAGAATTAAC	1980
	CTGATACCGT	TATCAAATAT	ATTTTTGATA	AGATCCTCTT	GATAACTTAA	TGGTTCATTA	2040
	TTGAAAAAAT	AAATAGTCTT	GAGTGGCTCA	TTAAATAAAA	AATGCTATGA	AAAGCCTTAT	2100
35	AATAAAGTGC	CTTTCATAGC	aATAAGTTGT	GTCCATTGAC	ACTATACATT	TTTCGTTTTG	2160
	TACATTAAAT	ATAAGAAATA	CGGTGCACCA	ATAATTGCTA	CGACAATACC	TGCTGGAACC	2220
	CCACCTGGTT	GTAATACAAT	TTTGCCAATT	GTATCAGCTA	TAACAAGTAA	ACATGCCCCCT	2280
40	ACTAAAATGG	CAATTGGTAA	AAACAACCTG	TGACGTGGTC	CAACGATACG	TTTGGCAATA	2340
	TGCGGACCCA	TTAATCCGAT	AAACGAAATT	GAACCTGCTA	CTGCTACAGC	AGCAGATGAT	2400
	AACATCACTG	CGATAAAGAA	TAATATTAAA	CGTTCTCTGC	TTAACCTTAC	ACCTAGACCT	2460
45	CGTGCAATAT	TATCACCCGT	ATGAATAATA	TTTAGTGTAT	TCGATTTAAA	TAGTAAGTAA	2520
	GGAATAATAA	TCAACACCCA	CGGTAAAAAT	GCAATGACAA	ATGGCCATTC	GTCACCCCAA	2580
	ATATTACCTG	CAAACCAAGC	AGCGATGAAA	TCAGATTGCT	TATCATCAAA	TTTTGACATA	2640
50	ATTGTAATTG	AGCCACCATA	TAATGCTGTT	TGTAAACCTA	CACCTATTAA	TACCATACTC	2700
	GCAGGTGTAA	CACCTTCATT	TTTATTAAAA	CTGAAAAATA	AAATAATCaA	TGCAGTGgTG	2760

55

	CCAATTGCAA TAAATAATGC GATTGCAAAT CCGCCACtGC GTTAATACCT AATATACCTG	2880
	GTTCAGCTAT TGGATTTTTT GTGACACTTT GCACTATTGC ACCACTAATA CTAAGctGCG	2940
5	CCAGCCAAAA TAGTAATCAT CATCCGAGGT AACCTGAAAT CTAATAAGAT TAACTCATCA	3000
	ATGGCATCAC CTTGTCCAAT TAAAGTTTTG AAAAATCTTT CAACAGGTAT GTTGTATTCA	3060
	CCTGAGGTAA TACTCCAAGT ACAACCTAGA AATAGTAGAA TGCTAAAAAC AGCCAGTGCT	3120
10	ATCAATTGTC TCGGTTTATT ATTGAACTA ATCATATTGA GCGTCCTCCT TTTTAACTA	3180
	AATATAAAAA GTAAGGAACA CCGATAAATG AAATGATTGC ACCAACAGGC GCTTCTCCTA	3240
15	AATATCGTGC TATCACATCG GCAACAAGCA CGAGTATCCC ACCTAACAAAG GCTGTTAATG	3300
	GTAGAATTTT AGCATAATCA GTTCCAATTA AAAATCTTGC TATATGAGGT ACCATCAAAC	3360
	CTACAAATGC AACTTGTCCA GCGATAGCAA CTGCAATACC TGCTAGAATC ATAGCAATAA	3420
20	TTAAACATAT GCCTCTGATC ATTGTTACAT TTTGACCTAA ACCTTTAGCT AATGATTAC	3480
	CAAGATTTAA AATGGTAAGT TGTTTACTAA TTGTTAATAT AATGAATAAC GCAATACCAA	3540
	TTAATGGAAT TGCCCACTTA AGGTGTGACC ATGTTGTGCC TGAAACGCCT CCAGCAGTCC	3600
25	AAAATGTTAC TGTTTGATTT AGTCTAAAAG CTAATGCAAT ACCTTGACTT AGCGCTGTTA	3660
	ACATAGCACT TACTGCTGCA CCCGCTAAAA TAATACGCAT CGGATTAAAT CCATCACGTC	3720
	TAGATCGGCC TATCATTAAAT ACAATAGCAC CTCCTAGAAT AGCACCTAAA AATCCAGCAA	3780
30	ACATCAATAT TAAAAATGAA GTGTTTGGTA AAACCTGCATA TGTTAATGCT AAAGCAAATG	3840
	AAGCACCTGA ATTTAAACCT ATGAGCGCCG GATCAGCAAG ACCATTACGA GTAACACCTT	3900
35	GTATAATCGC ACCAGAAACT GCAAGCGCCA TACCTACAAT TACTGCTGCT ATATTTCTGG	3960
	GAATCCTAAT CTCATTGATG ATGTTTGTCT GTTGATTGCT AGGATTATAA TTA AAAATAG	4020
	CCTCTATAAT TGTAGAGGCT TGAATTTTGG CGTCACCTAT TAATGTAGAA ATAAATAGTG	4080
40	TGATTAGTAG TATCATACTT AAACCTATAA TATAGGATAA AAACCTCAAT GCGGTTGGGT	4140
	TCTCTCTATT TGTCATGTTA ATTGTCCTTT TTATCATATT AACTTACTTA ATTAAGAATA	4200
	AGCTCTGCGA CATAAGTCAT AAGTTACCAG TAAAGGTTTT CCAGTTTTAG GATCTTTACT	4260
45	TAAAACAACA TCAATATTAA AAACCTTTTC TAATATTCC TGTGTTAATA CGTCTTCTGT	4320
	TGAACCTGTA GCGATGATAT CCCCTTCTTT CATCGCAATA AGATGATCTG AGAAACGAAT	4380
	CGCTTGTTTG ATATCATGAA GAACCATGAC AATTGTACAA CCTTGTTTCCT GATTTAGCTT	4440
50	CTGAACATAAT TCTAGTATTT CTAATTGATG ACAGATATCT AAATATGTTG TTGGTTCGTC	4500
	TAAAAAGATA ATATCAGTTC TTTGTGCTAA TGCCATTGCA ATCCAAACAC GTTGTCTTTG	4560

55

	TGCCCCAATCA ATtTCTTTCT TAtCCTCAGC AgTTAATCTA CCAAATCCTT TTTGATGTGG	4680
	AAAACGACCA TATGAAACTA ATTCCCCAAC AGTTAAGCCA TCTGCTACTT CaGGTGaTTG	4740
5	aGGTAAAaTG GcTATTTTTt TGcAATCyCy TTCGTAGATt GTGtATGAAT ATTTTCACCa	4800
	TCTAAAAATA CTTCGCCTTC TTAACTGCC AATAAACGTG ACAATGCCTT TAGCAAAGTA	4860
	GATTTCCCGC AGCCGTTAGG ACCAATGATT GACGTCACCTT TGCCATCTGG TATTTCAACA	4920
10	TCTAATTTAT TTATAATCGT GTTATCCCCG TAACCAATTT TAACTTGTTG TCCATGCAAA	4980
	CGATTcATAA TTTCCCTACT TTCAATAAAA TTCCTTCTGT TTATAAAAAA TAATTTCTAT	5040
15	TTTTAAATTA TCAATTTTCA AAGACATCCC AATTGATAAT GATTATCATG AACATCATTa	5100
	TAACATTTTT CAATCTTATT GACTAACATT ACTTTTAAa TTGGATAGCT CGATTTGTCA	5160
	TGTCTTGTAT ATTACTTTTA TAAAATAAAA AACGCCcACA GATAAGTCTT CATAGTTCAA	5220
20	AAACTTGTCC GTGGACTTCT ATTTAAGTAT GTGTGCTCAT ACCATTTATT TATTCATCTG	5280
	CAAGAAAGCC ATTACCATAG ACATCTCTTA CATCATGAAT TACGAGGAAT GCATCTTTAT	5340
	CGATTTGTTT AATTAATCGC TTTGCTTTTG AACTTGTGT TTTAGAAATA ACAACGTATA	5400
25	AGACATCTTT TTCTTCACGC GTATAATAGC CATGTCCGTT TAAATGGTT AAACCTCTTC	5460
	CAATTTGCTC GTCTATTGCT TTGGCAAGTT TGTCGGGATT AGTTGAAATA ATCGTCATAG	5520
	CTTTTTTAGT GTTTAAACCT TCTATGACAT ATTCCATCAC TTTTGTTcCT ATATAAAGTG	5580
30	ATATTACTGT TACTAATACT TTATCAAGTG GAATAACTGT AAGTGAAATT GCAACAACGA	5640
	TCATATCGAA GAAAAGCAAA GCATATGGCG TGCTTACATC GAGGTATTTc GTTGCAATTC	5700
35	TCGCCAAAAT TGTTGTACCT GCTGTTGTAC CGCCTGCAAG GATAATTACT CCGATTcCTA	5760
	GTCCAACGCT TACACCACCA AAAATGGCAT TCACAATGCT GTTTCCAGTT TCTACTTGCC	5820
	ATGATTCTGT TAAACTCAAA AATATTGAAA TAAGAATTGT TACAAGAATA GTTAAGTACA	5880
40	TACTTCTCTT ACTCAAAAAt TTATAAcCTA TGGCAATCAA TACTGCGTTG ACCAAGAAGT	5940
	TAGTGATGGC TGGTGAAATA TGAAACGCAT AATATAAAAT AATTGCTAAA CCTGTAACCC	6000
	CGCCTTCACC TAAGTTACCA GAAATAATAA ATGCATTTAC ACCTGCAGCA AAGATAAATG	6060
45	AACCTAAGAC AACTAGTATT AAATCTTTAA CCGTTTTATT CACGAAACCA TCCCCTTTAT	6120
	ATATTTATTA GACTAT	6136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 308:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2576 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 308:

5	GATATCGTAs	CTACTGAAAA	GTCATCACCA	CCATGGAATG	ATTCTTTTAA	ACGTTTTTAGC	60
	TTCTATGCAA	TTGCAATTCA	ATACTTTGTT	GTACAATTTA	TCATTACATT	ATTCTTAATT	120
10	TGGTTACCGA	CGTATTTAAC	AGAAGTATTC	CACGTTAACT	TTAAAGAAAT	GAGCATTAGT	180
	TCATTACCTT	GGTTATTAAT	GTTCTTCTTA	ATCTTATCAG	CAGGTGCAAT	TTCTGACCGT	240
	GTATTAGGAT	TAGGTCGTTT	AAAATTTCGT	GCTAGAGGTG	TAATTGCAAT	TGCAGGATTT	300
15	ATTGTGTTTG	CAGTTTCAAT	TATCTTTGCT	GTACGCACAG	GAAATTTATA	TGTAAGTATT	360
	TTCTGGTTAT	CACTAGGTCT	TGGTGGTATC	GGTATTTCAA	TGGGTATGAG	TTGGGCTGCA	420
	GCAACTGACT	TAGGACGTAA	CTTCTCTGGT	ACAGTATCAG	GGTGGATGAA	CTTATGGGGT	480
20	AATATAGGTG	CATTAATCAG	TCCGCTATTA	GCAGGTCTAT	TCGTAGAACA	TTTGGGTTGG	540
	ACAATGACAT	TCCAATTGTT	AATCGTTCCA	GCAGTAATCG	CTGTGATTAT	GTGGTTCTAT	600
	GTGAAACCAG	ATCAACCTTT	AATTGTTAGT	GATGATAAAG	CAATAGAAAA	ATAATTTAAA	660
25	CAAGCAGTAA	GCTTTCACAT	AGTTGGGGCT	TATTGCTTTT	TTTGGCTTGA	AATTGAAACT	720
	TTTTAAACA	GATATGGTTT	AAGATGAAAA	TGAAGTTATT	GAAATGATAT	ATGTAAAGAA	780
	ATAAGGTTTT	AAAACATTAG	TCAGGTAACG	CTTGTaAAAG	TACATATAAA	TTTTAACTAG	840
30	CGCAAAGGTG	GGCGACCAAA	GtTcaACGAT	GTTAAATAAC	aTTAGrAATT	AATTTTAATT	900
	GGACTTTAAA	AGTTTTTAAA	TTTAGATAAT	TGAGCATAAG	GTGTTATAAT	GACATATGTT	960
35	GCGTAATTAA	AATTTATAGC	AACAAATTCA	TTTTAACTAT	GCTAATAAAA	AGATTATGGA	1020
	AATATTTTGA	CAAGGAAAGG	AGAAGTCGAA	ATGACATCTT	TTTGACATCA	CTCATAAAAA	1080
	TCAATCGACT	TAACCTAGAC	TTTTATAAAG	GTGTAAGACA	GGGACTGTTA	ATGATTATTC	1140
40	CTGCAATAAT	CGGTACTTAA	TGTGGTAATT	TCCAATTGGG	ATTATTAGTT	GCAACCGGAA	1200
	CACTAGCCCA	TATTTATGTT	TTTAAAGGTC	CGTCGCGATC	TAAGCTGCGA	ACTGTAATAA	1260
	TTTGTAATTT	AGCGTTTGCA	ATATGTATGA	TGCTTGGTAC	GCTAACAGCC	AAAACGCCAC	1320
45	TCGTTTTTGG	AATGACATTA	TTAATTGTTA	CGGTATATAC	ATTTTATATA	TTTACTGCCT	1380
	TAAAAATAGC	TGGACCGTCA	TCGACATTCT	TCATTGTGAC	ATTCAGTCTA	CCCATTAACT	1440
50	TACCTATAGC	TCCCGAAGAA	GCATTATATA	GAGGCTTTGC	GATTTTAGTA	GGCGGTATAC	1500
	TTGCCACTAT	GATGGTGTTA	ATCACGATCG	TATTTTCTAA	AAACAAAGCT	GAAGAACAAG	1560
	CAATTCAAAA	TGATTTTAAA	CTCATATCTA	AGTTGTTACA	CACTTATAAT	GATAAATCTG	1620

55

TCACTTCTAC TTCAAGTAAC GATAAATTAA GTAGACGTTT CCAAAAATTA TTATTATTAC 1740  
 ACACATCTGC CCAAGGGATT TATTCTGAAC TGTTAGAGTT GAACGCTAAA CAAATTCGAC 1800  
 5 CATTGCCAGA TGAGTTAATT GAAATGATGG ATCATATCAT TGCACAATA GATAATAGTG 1860  
 AGGAAAATGT AAGATATTGG CGAAAAGAAG TGACAGTAAC AGAGGAATTT CAAAATTTAT 1920  
 TCAACCATAT ATTGAAAATT GATGAAATGG TGCATGCAAA TGAAGCGCGT ATTGCGTATG 1980  
 10 AAGCAGACAT GCGAAAACCT TTATATAGTA AACGCATTTA TCaAAATTTA ACaTTAGACT 2040  
 CtAtkGTTTT TAGAAATACA TTGAGATATA CAGCGATTAT GATGATAGCG ATATTTATTG 2100  
 CGTTAATGTT TGATTTTGAA AAAGCATACT GGATACCGTT ATCTGCACAT ACAATATTAC 2160  
 15 TAGGAACATC AACTATACAT GCAATCGAGA GAGGTATGGC ACGAGGTTTA GGTACTATTT 2220  
 TAGGTGTGTT AGTACTTTCA GTCATATTGT TGTTCCTCAAT ACCAACACCT GTTGCAAGTAA 2280  
 20 TTTTAATGGG CATTGCAGCA TTGTTTACTG AAGCATTGGT GGGAGCAAAT TATGCGATTG 2340  
 CAGTAGTTTT TATTACAATA CAAGTTATTT TAATGAACGG ATTAGCATCA CAGAATTTAA 2400  
 CAATTAACAT TCGGTTTCCA AGAGTTATTG ACGTTGCAAT GGGTATTGTG ATTGCAATCA 2460  
 25 TAGGTTTATT TGTCCTTGGA CAACGTACCG CATCCGCATT GCTTCCTAAT GTAATGGCTG 2520  
 AAGTTGTTTC TAAAGAAGCA ACGCTCTTTC ATTATTTATT TTCTGAAAAT CAATAT 2576

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 309:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 309:

40 CAAGCACATT ACGATGGTCT AATACTTTGC TAATAATTTT TTCTTGTCTT GGTGAAACG 60  
 TTTTATACCC AAAGTAATGC GATAATGTTT GTTGATCAT AAATTGACCC CTTATTGTTG 120  
 TTCTTTAATT TCTTCTAACT CACTCCATCT TGTGATGTCT AAATCATATT GAATTTCAAG 180  
 45 TTGTTCTTTT TCTTCGTTTA ATTCTTTAAT TTTCCCATAA TCTGCACTTG CCTCAATCAT 240  
 GAGCACATCA ATTTCTTCCA TTCTTACTTC CGCTTGTCT ATGCGTTTCA TCAATTGTTC 300  
 ATATTCTAAT TTTTCTTTAT ATGATAAACC ATTTTCTTA CGTACAGTTG TAGAAGATTT 360  
 50 AGATTGTGTC TTCAATGTGG ATTTATTTTT ATCTAATGAT TTTTATAAC TTTTATAATC 420  
 TTCAAAAGTT CCGATAATCT TTTCCATCTG ACCATCATGA ATAAACCAAT ATGACTGTGC 480

AATATAATCT TCAAGTATTG TTAAAGTCTC AGTATCTAAA TCATTTGTCG GTTCATCTAA 600  
 CAACAGAACA TTTGGCTGGT GTACGAGTAG ACGTAATAAA TACAAACGCT TTTGCTCTCC 660  
 5 ACCAGATA 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 310:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 12173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 310:

CATCAGTTTA TTTTGAAAGG CAATGCGATC ATTTTCATGTA TTTATGTTGT TTGAAACATC 60  
 20 GTTAGATAAC AATAGTGATA TTGCACATTT TAAGCTGAAG ATGGAAAAAT ATTCGATAAT 120  
 CAAATAAACA ATGAATTTTA GAAGGTACAA TGACGTTTAC TAATTTAAAT ATAGCTGAAT 180  
 GTGTTGGTGA GTGATGTTCA CTATAGATTT ATATTAATAT ACAAAGACAA AGGTTGTAA 240  
 25 TTTTATTAA GCGTTAGGTT GAATGTATGA GAATTTTAGA TTTATAATAG AAGATAGAAA 300  
 CGAAAATTTT TCTTAAAAGC AGTAATGTTG ACTCAAAATA AGCTATAATA ATGACACTTA 360  
 TTTAATTGAT TAACATTTGC TAATAAATAT CAATATAGAA TATAACTTTC CAATAATGAC 420  
 30 TGAGAAAATC GAAATGTCAG TCTCGAATCA TATAATTAGA AAATTGATTA TTTTCTGTCA 480  
 ATTTAGGGTT GAACTATACA TATGATATTG TTAGAATATT TTTTAACATT ATATTTTATT 540  
 35 GCTTTAAAGT GGAATATACT TGAAATAATT AGTAGAGGTG AGTAAGGATG AGTAATAAAT 600  
 TAGAATCATA CAGAAGTGAG ATTGTATCAC TGAATCATCA AATTTTAGAC TTATTATCTA 660  
 AACGTGGTGA ACTAGCACAA AAAATTGGGG AAGAAAAATT AAAACAAGGT ACACGTATTT 720  
 40 ATGATCCACA ACGTGAAAAA GAAATGCTTA ACGACTTAAT CGATAGTAAC AAAGGACCAT 780  
 TCAACGATAA TACTATTAAG CAATTATTTA AAGAAATTTT CAAAGCCTCT ACAGATTAC 840  
 AAAAATCTGA AAATGAAAAA CATTATATG TATCACGTAA GTTGAAACCT GAAGATACGA 900  
 45 TTGTAACATT TGATAATGGG GGCATTATAG GAGACGGCAA TAAATCATT GTATTGGGC 960  
 CATGTTCACT TGAATCATTT GAACAAGTTG AAGCTGTTGC TAAAACTTA CATGCTAAAG 1020  
 GTGAAAAATT TATTCGTGGC GGTGCATTTA AACCACGTAC ATCACCATAT GATTTCCAAG 1080  
 50 GCCTAGGTGT TGAAGGACTT AAAATACTTA AACAGATTAA AGATAAATAT GATTTAAATG 1140  
 TTGTCAGCGA AATCGTAAAT CCAATGATT TTGAAGTGGC TGATGAGTAT TTAGACGTAT 1200



## EP 0 786 519 A2

	AAAAGCCTAT TCTATTAAAA CGTGGTTTAT CTGCTACAAT CGAAGAGTTT GTTTATGCAG	1320
	CTGAATACAT TGCTTCACAA GGTAAATCAAA ACATTATTTT ATGTGAACGT GGAATCCGAA	1380
5	CTTATGAAAA GGCACACGT AACACTTTAG ATATTTCAGC AGTACCAATT TTAAAAAAG	1440
	GTACACACTT ACCAGTCATG GTAGATGTTA CGCATAGTAC AGGTCGTAAA GATATCATGT	1500
	TACCAACTGC GAARsAgCAT TAGCAGTTGG TGCTGATGGA GTTATGGCTG AGGTGCATCC	1560
10	AGATCCATCT GTTGCACTTA GTGATGCGGG TCAACAAATG GATTTAGATG AATTCCAAGC	1620
	ATTTTATGAT GAATTAAAGC CTTTAGCTGA TTTATATAAC GCTAAAAAGT TAAAAATAA	1680
	TTCCAAGGAA ACTATAGACT ACTTAACTAA TATGTCATGT TGAAGTAGAA TATTATCTTT	1740
15	GAATCGACAA TTTTAACTT ACAGCCATTC TAAGAGTATA TTACTTTTAG AGTGGCTATT	1800
	ATTTTTTGTA TAGAAATAAA GGTATACTGC ACTTAAAGAT TGTTATAATA CTTGACACT	1860
20	TGTTCAATTT CACAATTATT AAAGATTATG ACTGATAGCA GTAATTAAAA TTATAACTAT	1920
	GAATTATCTG TAAATATAA TAGATTCACA CATTTGTTGC TGAAATGTGA ACATTTTTC	1980
	ACAAATGCAA TTGATATTTG AAAAGGCTTT CTCAAACAT TACAATTAAA AATGAAAAA	2040
25	GTTTATATAA AATTAAAATA TATCGTTCGT TATCATTTAG CGTTTGTITT TATTTCAAGC	2100
	TTTTCGCTAA ATTTTTCCAA AAAAAATAT GTTACTGTAA ATTAAAATAT GGTAACAT	2160
	GAAAATGAAA TGAAAACATG TTATTATAAT GAATAAAACG TTTACAAGGA GGAAATTATG	2220
30	ACAGTTACTA TATATGATGT AGCAAGAGAA GCGCGTGTCT CTATGGCCAC AGTGTGCGGT	2280
	GTTGTTAATG GGAACCAAAA TGTTAAAGCA GAACTAAAA ATAAAGTTAA CGAAGTCATT	2340
35	AAGCGTTTGA ATTATCGTCC AAATGCTGTT GCTAGAGGTT TAGCTAGTAA AAAGACAACA	2400
	ACAGTAGGTG TGATCATTC AGATATATCT AATATCTATT ATTCACAACT TGCTCGTGG	2460
	CTTGAAAGATA TTGCAACAAT GTATAAATAT CACTCAATTA TTTCAAATTC AGATAACGAT	2520
40	CCTGAAAAGG AAAAAGAAAT TTTTAATAAC TTATTAAGTA AACAGGTTGA TGGTATTATT	2580
	TTCCTTGGTG GTACAATTAC TGAAGAAATG AAAGAATTGA TAAATCAATC ATCTGTACCT	2640
	GTAGTAGTAT CAGGAACAAA TGGTAAGGAT GCACATATAG CATCAGTTAA TATTGATTTT	2700
45	ACTGAAGCTG CGAAAGAAAT TACGGGAGAA TTAATTGAAA AAGGCGCTAA ATCATTGCT	2760
	TTAGTAGGTG GAGAACATTC TAAAAAGCT CAAGAAGATG TTTTGAAGG TTAACTGAA	2820
	GTGTTAAATA AAAATGCGCT TCAATTAGGT GATACATTGA ATTGTTCTGG TGCTGAAAGT	2880
50	TATAAAGAAG GCGTAAAAGC TTTTGCCAAA ATGAAAGGCA ATTTGCCAGA TGCCATTTTA	2940
	TGTATCAGCG ACGAAGAAGC AATTGGTATT ATGCATAGTG CAATGGATGC TGGTATTAAA	3000

55

	CCACAAC TTT CTAGTGTAT TCAACCATTA TATGATATCG GTGCAGTAGG GATGCGCTTA	3120
	TTAACAAAAT ATATGAACGA TGAAAAGATA GAAGAACCAA ATGTAGTTTT ACCTCACAGA	3180
5	ATTGAATACC GAGGAACTAC AAAATAAATT CACAAAATTA GGCATTTCATC TAACGACCCA	3240
	AATTATATGG GTGTTGGAAG AATGCCTTTT ATTTATCTTT TAAAATCGTT GCAGATTAGG	3300
	TTACTTATTG ACGAGTAGAT TCGTACCAAC TCGCTATATG TAAAGCTAAT TTTTTATTTT	3360
10	TTTCACTAAT TTCTTTTGTG CGGGGGACAT AGGTATAATC ATTTAAACGA TCTTCCCATC	3420
	TTTTAGGTAA TAATTCAGAT GAATAATGTT TCCATTTATT AATCCATTCT AACGGTAAAT	3480
15	AACCACTTTG AATTGGTTGA TCAATTAAAC TTAAGAATAC ATGACTCCAT GCACGTGGTA	3540
	CGACTCTCCA AATATTGTAG CCTCCGCCAC CAAACATAAT TACCTTTCCA TTCGTATAAG	3600
	AATCAGCTAA ATATTTTACA AAATATGGAA TTTCATATAA TGAATGTAAC GTACAATTTA	3660
20	GATGAGTTAG TGGATCACGA TAATGTATAT CGACACCATT TACGCTTAGA ATAATATCAG	3720
	GTTTAAAACT CTTTACGACA GGCTCAACTG TTAATTTAAA ACACTCCAAA AATGATGCAT	3780
	CTTCTGTATA CGGTTCAAGT GGGACATTTA CAGTGTGTCC ATAGCCGATA TCTTCACCGC	3840
25	GCTCAGTATA GTGACCAGAG CCTGGGAAAA GAAATTTTCC GGTTCATGG ATAGAATAAG	3900
	TAGTAACATG GTTATCGGCA TAGAACTCC ATGTGTGTACC ATCTCCATGA TGTGCATCGG	3960
	TATCTATGAT TAAAACGCGT TGATTGTATT CTTTAGCTAA GTATTGTGCG GTAATTGCAA	4020
30	TATCATTGTA TATACAAAA CCACCTTGCTC GACCAGGTTG AGCGTGATGC AAACCACCAC	4080
	CTAAGTGACA ACCATTTAAT ACTTTGCTG ACATAATAAG ATCTGCTAAA GTTAAAGCGC	4140
35	CTCCAACAAT TGTGGCACTA TGGCGGTGCA TATGCTTAAA TTGACCATTC TCTTCATCAT	4200
	TTAATCCATA TTCTTTAGCC TCATCTTCAC TGATAATGCC ATGTGAAGCA TGCTTAATAG	4260
	CTTGGACGTA ATCATATTTA TGAATTAACA TTAATTCGTC ATCTGTTGCA ATTCTAGGTT	4320
40	GTACTATTTG TTCTGGAGAC AATAAATTTG CATTCAAAAG TAGCTCTGTT GTTAATTTTA	4380
	AACGCATTTG ATTGAAGGGA TGTGTTGTCAT GAAATCGATA TTGTAATAAC TTATCTGAAT	4440
	AAACATATGC AGTTTTTGAT GAATGTTGTT GCATATAATC CCTCCGATAT TCCAAAAATT	4500
45	AAAAGAAAAA CCGATTCATA TAACGAATAT CATCAAACGC TTGTTGCTGT TCTAATGTAA	4560
	TGTTTTTGCC AATTCTTGCC ATTAAACAAT TAGCTGGATG ACTTGTTATT TCTGGATCAT	4620
	CTGTAGCGAA TATTTCAAGT CCACCAGTTG CCATTAAACG CTGCATTAAT TTTTTATAGT	4680
50	CAAATACATC TAACTTTGAA TTTTTTAAAT CCCAATGCCA GTAATATTCT GTAGTTATAA	4740
	CGATATAATT CTCGAATTCT GGTGTAGAAA GGCTAAGTTG TATCAGCTTT TCTGCAAGTT	4800

55

## EP 0 786 519 A2

TACCTGTAGA CCAGCGCTCA ATTTTCATCAG GATAGTGGAA AGTGACATAA CCCACAATGA 4920  
 GTTGATCTTG GCGAGCAACA TAAATTCTAC CTTCTGGTAA TGTGTGAATT TCTAACAAAG 4980  
 5 CTTTATACTG ATCTTCAGCA TCTCTAAATG CGGTTAAATG CGCATCGAAA GTAAGCGCTT 5040  
 TCAAATCTtC GTGTGTTAAA GGACCTTCAA TAACAAATTG CTTGTCATGA ATGTAATAAT 5100  
 CTTCGGATTG ATACGTCTTT AAATGATTCA TATTTTCAAC TCCTCAATCG ACGTCGTGAT 5160  
 10 TGTATTAAAT TCATTATATA GAAaATTTAC AATAATTAAT ACTAGAAAAA GGATAAAAGT 5220  
 AAAAAATTTG AATAATTAGA AATGTTATGT ATAATATTGA GAAAGAAAGC GTTTTCACAT 5280  
 15 AACAAAGGGG GAGTTTCAA TGAAAGTCGA AGTTTATAAA GGAGCGCAAG GTAAACATAA 5340  
 CCTTAAAGAT TATGAAGAAA CATATAATAC TTTTGATTGG AAAGACGTAG AACAAAGCATT 5400  
 TTCTTGGAGT GAAACTGGAA AAATGAACAT GGCATATGAA TGCATAGATC GCCATGTAGA 5460  
 20 TCAAGGATTA GGGGATAAAA TAGCGTTAAA TTACAAAGAT GAGCACAGAA AAGAATCGTA 5520  
 TACTTATAAA GATATGCAAC GGTATCTAA TAAAGCAGCG AATGTTTTGT CTGAACATGC 5580  
 AGAAGTTGAC AAAGGTGACA GAGTATTTAT ATTTATGTCG CGTACACCTG AACTATATTT 5640  
 25 TCGGTTGTTA GGTGTTTTAA AAATTGGTGC AATTGTTGGG CCGTTATTTG AAGCATTAT 5700  
 GGAAAAGGCA GTTGCGGATA GATTAGAGAA CAGTGAAGCT AAAGTGTTAA TTAATAATAA 5760  
 GGCATTGTTA CCTCGAGTAC CTGTAGATAA ATTACCAAAC TTGAAAAAAA TTGTTGTCGT 5820  
 30 AGATGAGGAT GTAGAAGACA ATTACATAGA CTTCAATTAGT TTGATGGAAA CTGCTAGCGA 5880  
 TGAATTTGAC ATTGAATGGT TAAAGTCGGA TGATGGTTTG ATTTTACATT ATACATCAGG 5940  
 35 TTCTACTGGG CAACCTAAAG GtGTATTGCA TGTTCACAA GCAATGTTAG TGCACTATAT 6000  
 TTCTGGAAAA TATGTATTAG ATTTACAAGA AGATGATGTT TATTGGTGTA CAGCAGATCC 6060  
 AGGTGGGTT aCAGGAACAT CTTATGGTAT TTTTGCACCA TGGTTAAATG GCGCTACAAA 6120  
 40 TTGTATAGCT GGTGGTCGCT TTTCGCCAGA ACAGTGGTAT AGTATGATTG AAGATTTTAA 6180  
 AGTGACGATT TGGTATACGG CACCAACAGC TTTAAGAATG TTAATGAGTG CTGGTGACGA 6240  
 TATTGTTGAG AAATATGACT TGTCATCGTT ACGTTTCGATT CTATCAGTAG GTGAGCCTTT 6300  
 45 AAATCCTGAA GTTATAAAAT GGGCGAAAAA AGTATACGGT TTAACGGTGT TAGATACTTG 6360  
 GTGGATGACA GAAACAGGTG GACATATGAT TGTAACTAT CCAACGATGG ACGTcAAGCT 6420  
 TGGCTCAATG GGCAAACCAT TACCTGGTAT TCAAGCTGCA ATTATCGATG ATGCAGGGAA 6480  
 50 TGAATTACCA CCAAATCGAA TGGGCAACCT TGCTATAAAA AAAGGCTGGC CATCAATGAT 6540  
 GTATCGTATC TGGAAGAATC CAGAAAAATA TAAATCATAT TTTATTGGAG ACTGGTATGT 6600

55

	TGATGTAATT ATGACAGCTG GTGAACGAGT TGGACCATTT GAGGTTGAGT CTAAATTGGT	6720
	TGAACACGAA GCAGTTGCCG AAGCAGGAAT TATTGGTAAA CCTGATCCGG TTCGCGGTGA	6780
5	AATAATTAAG GCGTTTGTG CACTGAGAAA AGGATATGAA CCAACAGACG AATTAAAAGA	6840
	AGAAATTCGT ATATTTGTGA AAGAAGGTTT GTCGGCACAT GCAGCACCAC GTGAAATCGA	6900
10	ATTTAAAGAT AAATTACCTA AAACACGGTC AGGTAAAATT ATGAGACGTG TATTAAAAGC	6960
	TTGGGAATTA AATTTAGATG CTGGGGATTT AAGTACAATG GAATAATGAC ATGAATGTGA	7020
	TTGAAGATT TTTTCGAAGA ATAAAGGGTG ACAACATATT TCATGTCAAT GTTTAAATAA	7080
15	TCGTTTACTT TACGATAAGC AATATAAAGA ACTGTTAACT TGTGTCATAT CATTTCGTAG	7140
	AAAGCATTG AAAATGATGA CATAACAATA ATGGCATATC TTTATATTGC TTTTATTTT	7200
	TAATATGATC TTTGGAAGAT GATTATTTTA AATAATAGAA AAATATAGTT ATCAATAGTA	7260
20	TCAAGCGCTA AAAGTTGTAT AATACAAAAC TTTAATAAGT GAATTTATTG CAAAATGAA	7320
	AGCGCTAACC CGATTTAGTC GACAAGTTTT TAACAGTTTCG TTATTATATG AATGTAAGTA	7380
	AAAATTTCTT AGCTACAAC TACATATTAT AAATGCATAA ATTAACAATA AAGGGGCGAA	7440
25	AAAAGTTGAC TCATTTATCA GATTAGATA TTGCGAATCA ATCAACACTA CAACCAATTA	7500
	AGGATATTGC TGCATCAGTA GGTATTTTCA AGGATGCATT AGAACCTTAT GGTCAATACA	7560
	AAGCTAAAT CGACATTAAT AAAATTACGC CAAGAGAAAA CAAAGGGAAA GTTGTTTATG	7620
30	TAAGTGGAT GAGCCCAACA CCAGCTGGTG AAGGTAAATC AACGGTTACA GTTGTTTATG	7680
	CTGATGCATT CCATGAGTTA AATAAAAACG TTATGGTTGC ATTAAGAGAG CCTGCTTATG	7740
35	GACCAACATT TGGTATCAAA GGTGGTGCGA CTGGTGGTGG TTATGCGCAA GTCTTACCTA	7800
	TGGAAGATAT CAACTTACAT TTCAACGGAG ATTTCCATGC GATTACAAC TCAATAATG	7860
	CATTGCTGTC GTTTATCGAT AATCATATTC ACCAAGGTAA CGAATTAGGA ATCGATCAAA	7920
40	GACGTATTGA GTGGAAACGT GTATTAGATA TGAATGATCG TGCACTTAGA CATGTAAACG	7980
	TTGGGTTAGG TGGACCTACA AATGGTGTAC CACGTGAAGA TGGCTTTAAT ATTACAGTAG	8040
	CGTCTGAAAT TATGGCGATT TTATGTTTAA GTAGAAGTAT TAAAGACTTA AAAGATAAAA	8100
45	TTAGTCGTAT TACTATTGGT TACACTAGAG ATCGCAAGCC AGTTACAGTT GCAGATTTAA	8160
	AAGTGGAAGG TGCACTTGCA ATGATTTTAA AAGATGCAAT AAAACCAAAC TTAGTACAAT	8220
	CAATTGAAGG GACACCTGCA TTAGTTCATG GTGGACCATT TGCGAATATC GCACACGGTT	8280
50	GTAAGTCAAT TTTAGCAACT GAAACAGCAC GTGATTTAGC TGATATCGTT GTAACGGAAG	8340
	CTGGATTGG TTCAGACTTA GGCGCTGAAA AATTCATGGA CATTAAAGCG CGTGAAGCAG	8400

55

	GTGTAGCGAA AGATAATTTA AAAGAAGAAA ATGTAGAAGC AGTAAAAGCA GGAATTGTTA	8520
	ATTTAGAGCG TCATGTTAAT AATATTAAAA AATTCGGTGT AGAACCGGTT GTTGCAATTA	8580
5	ATGCATTTAT ACATGATACC GATGCAGAAG TAGAATATGT AAAATCTTGG GCTAAAGAAA	8640
	ATAACGTACG AATTGCCTTA ACTGAAGTTT GGGAAAAAGG TGGTAAAGGT GGC GTTGACT	8700
10	TAGCAAATGA AGTATTAGAA GTCATTGATC AACCTAATTC ATTTAAACCT TTATATGAAT	8760
	TAGAATTACC ATTAGAGCAA AAGATTGAAA AGATTGTGAC TGAAATCTAT GCGGTTCAA	8820
	AAGTAACGTT TAGCAGTAAA GCGCAAAAC AATTAAAACA ATTTAAAGAA AATGTTGGG	8880
15	ATAATTACCC AGTATGTATG GCGAAAACAC AATATTTCATT CTCAGATGAT CAAACGTTGT	8940
	TAGGTGCACC ATCAGGATTT GAAATTACAA TTCGTGAATT AGAAGCGAAA ACAGGTGCAG	9000
	GATTTATCGT AGCGTTGACA GGTGCAATCA TGA CTATGCC TGGTTTACCT AAAAAACCAG	9060
20	CAGCATTAAA CATGGATGTT ACTGATGATG GTCATGCAAT TGGGTTATTC TAATAATCA	9120
	TGTCAATTGT TTAATAAAGA TAAGTAAATA GTTTAATAGA CCGGACTGTT GGAGATGCAT	9180
	TATTTTCAGCA GTTCGGTTTT TTGCTGTGCT AAAAAATAGAT TCAATTTGGC GAATCTAACG	9240
25	ACAAATGTTT AAGGTGGTTA ATTAATGTAT ATGAAGATAA AAAGTGGGCT TGAAGAATAG	9300
	GAAAGCGATG CAATGAATAT TCCATATTAA AAAAAATTAA TAAATAGGT TGCAATATTT	9360
	AATTGGGATG CGCTACAATT AACACTAATA ATTGATATTG ATAATTATTA TCAATTAAAT	9420
30	ATAATCTTAT AGGAGTTGTT AACAACATGA ACAAACATCA CCCAAAATTA AGGTCTTTCT	9480
	ATTCTATTAG AAAATCAACT CTAGGCGTTG CATCGGTCAT TGTCAGTACA CTATTTTTAA	9540
35	TTACTTCTCA ACATCAAGCA CAAGCAGCAG AAAATACAAA TACTTCAGAT AAAATCTCGG	9600
	AAAATCAAAA TAATAATGCA ACTACAAC TC AGCCACCTAA GGATACAAAT CAAACACAAC	9660
	CTGCTACGCA ACCAGCAAAC ACTGCGAAAA ACTATCCTGC AGCGGATGAA TCACTTAAAG	9720
40	ATGCAATTAA AGATCCTGCA TTAGAAAATA AAGAACATGA TATAGGTCCA AGAGAACAAG	9780
	TCAATTTCCA GTTATTAGAT AAAACAATG AAACGCAGTA CTATCACTTT TTCAGCATCA	9840
	AAGATCCAGC AGATGTGTAT TACACTAAAA AGAAAGCAGA AGTTGAATTA GACATCAATA	9900
45	CTGCTTCAAC ATGGAAGAAG TTTGAAGTCT ATGAAAACAA TCAAAAATTG CCAGTGAGAC	9960
	TTGTATCATA TAGTCCTGTA CCAGAAGACC ATGCCTATAT TCGATTCCCA GTTTCAGATG	10020
	GCACACAAGA ATTGAAAATT GTTCTTCGA CTCAAATTGA TGATGGAGAA GAAACAAATT	10080
50	ATGATTATAC TAAATTAGTA TTTGCTAAAC CTATTTATAA CGATCCTTCA CTTGTAAAT	10140
	CAGATACAAA TGATGCAGTA GTAACGAATG ATCAATCAAG TTCAGTCGCA AGTAATCAAA	10200

55

	AGGCAACGAC CAATATGAGT CAACCTGCAC AACCAAAATC GTCAACGAAT GCAGATCAAG	10320
	CGTCAAGCCA ACCAGCTCAT GAAACAAATT CTAATGGTAA TACTAACGAT AAAACGAATG	10380
5	AGTCAAGTAA TCAGTCGGAT GTTAATCAAC AGTATCCACC AGCAGATGAA TCACTACAAG	10440
	ATGCAATTAA AAACCCGGCT ATCATCGATA AaGAACATAC AGCTGATAAT TGGCGACCAA	10500
	TTGATTTTCA AATGAAAAAT GATAAAGGTG AAAGACAGTT CTATCATTAT GCTAGTACTG	10560
10	TTGAACCAGC AACTGTCAAT TTTACAAAA CAGGACCAAT AATTGAATTA GGTTTAAAGA	10620
	CAGCTTCAAC ATGGAAGAAA TTTGAAGTTT ATGAAGGTGA CAAAAAGTTA CCAGTCGAAT	10680
15	TAGTATCATA TGATTCTGAT AAAGATTATG CCTATATTCG TTTCCAGTA TCTAATGGTA	10740
	CGAGAGAAAGT TAAATTGTG TCATCTATTG AATATGGTGA GAACATCCAT GAAGACTATG	10800
	ATTATACGCT AATGGTCTTT GCACAGCCTA TTACTAATAA CCCAGACGAC TATGTGGATG	10860
20	AAGAAACATA CAATTTACAA AAATTATTAG CTCCTATCA CAAAGCTAAA ACGTTAGAAA	10920
	GACAAGTTTA TGAATTAGAA AAATTACAAG AGAAATTGCC AGAAAAATAT AAGGCCGAAT	10980
	ATAAAAAGAA ATTAGATCAA ACTAGAGTAG AGTTAGCTGA TCAAGTTAAA TCAGCAGTGA	11040
25	CGGAATTTGA AAATGTTACA CCTACAAATG ATCAATTAAC AGATTTACAA GAAGCGCATT	11100
	TTGTTGTTTT TGAAAGTGAA GAAAATAGTG AGTCAGTTAT GGACGGCTTT GTTGAACATC	11160
	CATTCTATAC AGCAACTTTA AATGGTCAAA AATATGTAGT GATGAAAACA AAGGATGACA	11220
30	GTTACTGGAA AGATTTAATT GTAGAAGGTA AACGTGTCAC TACTGTTTCT AAAGATCCTA	11280
	AAAATAATTC TAGAACGCTG ATTTTCCCAT ATATACCTGA CAAAGCAGTT TACAATGCCA	11340
35	TTGTTAAAGT CGTTGTGGCA AACATTGGTT ATGAAGGTCA ATATCATGTC AGAATTATAA	11400
	ATCAGGATAT CAATACAAAA GATGATGATA CATCACAAAA TAACACGAGT GAACCGCTAA	11460
	ATGTACAAAC AGGACAAGAA GGTAAGGTTG CTGATACAGA TGTAGCTGAA AATAGCAGCA	11520
40	CTGCAACAAA TCCTAAAGAT GCGTCTGATA AAGCAGATGT GATAGAACCA GAGTCTGACG	11580
	TGGTTAAAGA TGCTGATAAT AATATTGATA AAGATGTGCA ACATGATGTT GATCATTTAT	11640
	CCGATATGTC GGATAATAAT CACTTCGATA AATATGATTT AAAAGAAATG GATACTCAAA	11700
45	TTGCCAAAGA TACTGATAGA AATGTGGATA AAGATGCCGA TAATAGCGTT GGTATGTCAT	11760
	CTAATGTCGA TACTGATAAA GACTCTAATA AAAATAAAGA CAAAGTCATA CAGCTGAATC	11820
	ATATTGCCGA TAAAAATAAT CATACTGGAA AAGCAGCAAA GCTTGACGTA GTGAAACAAA	11880
50	ATTATAATAA TACAGACAAA GTTACTGACA AAAAAACAAC TGAACATCTG CCGAGTGATA	11940
	TTCATAAAAC TGTAGATAAA ACAGTGAAAA CAAAAGAAAA AGCCGGCACA CCATCGAAAG	12000

55

CATGGTGGGG CTTATATGCG TTATTAGGTA TGTTAGCTTT ATTCATTCCT AAATTCAGAA 12120  
 AAGAATCTAA ATAATTAnCT AAATATAGCA TATGTATGAT TAACTTTGTA GAC 12173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 311:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1316 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 311:

CAACATTAAT ATTGATATTA AATCTTCCTG GATAACGTGC TTGTTGAGT GATAAGTATG 60  
 CACGCACTTG ACTTAACTCT TTATCTAAAG TAATCGTATG TTGCTTAGAG CCTTGTAAT 120  
 TCGCTCTGAA AAAATAACTC AATTCTAATA GTAACCTCTG TGCCTTTTCG CTATTTATTC 180  
 TAACTAAAGC TGAGATCGTG TTAATTGAAT TGAAGAAAAA ATGTGGACTC ACTTGTGCCT 240  
 GTAATGACTT AATCTCAGCA TCTTTCAATA ACTTACTTTG CGTTTCGGCT TCACCAAGTT 300  
 CAATTTGGCT ACTAAAAATA TTTGCCAATC CTTCTGCAAG TTGACGTTCC ACAAAAGTTA 360  
 AATCATTAGG GTTTGTAAAA TACATCTTCA ATGTACCGAC GATAGAACCA TGCATCTCAA 420  
 GTGGTATCAC GATAGCTGCT CTAAGCGGGC AATTCGGATG ACTACAACCA ATCTCTTCTT 480  
 TAGTATGAAC TTCTTTCAAC TTTCTGATT TCAATACATC TTTAGACAGA CTTGTTAATA 540  
 TTTCAATTTGT TGGTATGTGA TGATCACTAC CTGCACCTAC ATGCGATAAG ATTTCAATTT 600  
 TGCTTGTAAT TGCTACGGCA GATACTTTCA TTAAATTTTT AATAATCATC GCAATTTGCT 660  
 GTGCCGATTC TCTATTCAAT CTTTCTTTAA AATACGGCAA TGTCTGGTTC ATCAATTGCA 720  
 GTACATCATG TGTTGAACA GCCTTCATTT GCTCCTCTTG CTTTAATGTT GAAATGATAA 780  
 TAGACATAAA AATCGCCGTA CCAACGCTAT TAACAATAAT CATTTGGTAGT GCAATTAATG 840  
 ATATGAGGTC AACCGCATAT GCTTTGTCTG GGGAAAATGT TAAAATGCTC AACATTTGAA 900  
 TCATTTCCAT AACAATTCCA ATCATGGCAC TTTTCGCAAT ACTCGGGTAA CGCTTGCCTC 960  
 TTTGAGCTTG TAAGCCAAAA TAACCAGCAA TTATACCAAT AAATATAGAT GAGATAAGAT 1020  
 AAACCTGTGC ATCCGCCCCA CCCATATACA CTCTGAAAAT ACCTGAAATA ACGCCAACAA 1080  
 ATAGACCTAC AAAAGGGCCA CCAACTAATC CTGCGACACC TATCGTTAAT ACACGTGTGT 1140  
 TAGCTAAAGA TACATCATCA TCTAAACGGA AGTACACACT TCCTGACAAA CTATGTTGAT 1200  
 GATCGATGAC GATACCAGTT AAATTAGACA TTAAGGCAAA CAACTGAAA ATAATACATA 1260

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 312:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 7972 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 312:

	TATAAATATT ATTTTATTAT CGTTTATCGC TATTTGTGTT ACATAATCAA AACCATAAAT	60
15	TCTTACTCAT TCAGATTTAC CCAATATTTT TACTTTTATA ATGTAATGCG TTTTATCCAA	120
	GTTATTTTTT AAAAATAAAT ATTGAATTng GGGCTGhTTT CATGTCATTA AGAGATGAAG	180
	CATTGGAAAT GCACAAACGT AATCAAGGTA AATTAGAAGT TAAACCAAAT GTAAAAGTTA	240
20	CTAATAAAGA GGAATTAAGT TTAGCATACT CACCTGGCGT TGCTGAACCG TGTAAAGATA	300
	TTTATGAAGA TAAAAGAAAA GTATATGATT ACACAATTAA AGGAAATACA GTTGCAGTTA	360
	TTACTGATGG AACAGCGGTA TTAGGTTTAG GTAACATTGG ACCTGAAGCA AGTATTCCTG	420
25	TAATGGAAGG TAAAGCAGTA TTATTCAAAA GCTTCGCTGG TATCAATGGG GTGCCTATTG	480
	CGTTAAATAC AACTGATACC GAAGAAaTCA TTAAAACAGT TAAGTTGTTA GAACCTAATT	540
	ATGGTGGTAT TAATTTAGAG GATATTTTCGG CACCACGtG TTTTGAAATT GAAGAACGAT	600
30	TGAAAAAAGA AACTAATATT CCGGTATTCC ATGACGATCA ACATGGTACA GCAATTGTAA	660
	CATTGGCAGG TTTGGTAAAT GCATTGAGAG TTGTTAACAA AGATATTGCT AAAATAAAAG	720
35	TTGTACTAAA TGGTGCTGGT GCAGCAGGAA TAGCCATTGT TAAATTACTA TACGCGTATG	780
	GTGTAAGAAA TATGGTTATG TGTGACTCAA GAGGCGCAAT TTTTGAAGGA CGTTCATATG	840
	GTATGAATCC TACGAAAGAT GTTGTAGCAA AATGGACAAA TAAAGATAAG ATTGAAGGGT	900
40	CTTTAGAAGA AGTCGTAAAA GACGCAGATG TATTTATCGG GGTTCCTGTA GCTAATGCCG	960
	TGTCACAAGA TATGGTTAAG AGTATGGCAG ATAATCCAAT TATATTTGCA ATGGCTAATC	1020
	CAAATCCTGA AATAATACCT GATGATGCCA AAGCGGCAGG TGCACGAGTT GTTGGTACAG	1080
45	GACGTTTCTAGA CTATCCTAAC CAAATTAATA ATGTATTAGC TTTCCCTGGT ATTTTATAGAG	1140
	GTGCATTAGA GGTGGAAGCT ACACATATAA ATGAAGAAAT GAAAAAGGCA GCTGTAGAAG	1200
	CGATTGCTGA TTTAATCGAT AGTCTGAAT TAAATGAAGA CTACTGTATC CCAGGACCGT	1260
50	TTGATAAACG TGTAGCGCCA TCAGTTGCTC GTAATGTTGC TAAAGCGGCA ATGGAATCTG	1320
	GAGTAGCTAG GATTGAAGTT GATCCGCAAG ATGTGTATGA TAAAACAATG AACTTACAG	1380



## EP 0 786 519 A2

	ATTAAATGA	TGAAATGAA	AGTTTATGAT	AAACATTCAA	CAGTCAAACG	AATATAAATC	1500
	AAATAAATTT	AAACCCGTTT	TTAACTGGTC	AAGTTCAGTT	TAAGGCTCTA	AATGGTTAGA	1560
5	ACAGAGGTTA	TTTGGAGGTT	TTCTATGTT	TAAAGATTTT	TTAATCGAA	CAAAGAAAAA	1620
	GAAATATCTT	ACAGTACAAG	ACTCTAAAAA	TAATGATGTG	CCTGCAGGTA	TTATGACTAA	1680
10	GTGTCCAAAG	TGTAAGAAAA	TTATGTACAC	AAAAGAATTA	GCTGAAAATT	TAAATGTGTG	1740
	CTTTAATTGT	GATCATCATA	TTGCTTTAAC	TGCGTATAAA	CGTATAGAAG	CAATTTCTGA	1800
	TGAAGGATCA	TTTACAGAAT	TCGATAAGGG	AATGACCTCT	GCGAATCCAT	TAGATTTTCC	1860
15	aAGTTATTTA	GAAAAAATTG	AAAAGGACCA	ACAAAAGACA	GGTCTTAAAG	AAGCAGTTGT	1920
	GACTGGTACA	GCACAAC TAG	ATGGTATGAA	ATTTGGCGTT	GCTGTCATGG	ATTCACGTTT	1980
	TAGAATGGGA	AGTATGGGAT	CGGTTATCGG	TGAAAAGATA	TGTCGCATCA	TTGATTACTG	2040
20	CACTGAGAAC	CGTTTACCAT	TTATTCTTTT	CTCTGCAAGT	GGTGGTGCAC	GTATGCAAGA	2100
	AGGTATTATT	TCCTTGATGC	AAATGGGTAA	AACCAGTGTA	TCTTTAAAC	GTCATTCTGA	2160
	CGCTGGACTA	TTATATATAT	CATATTTAAC	ACATCCAAC T	ACTGGTGGTG	TATCTGCAAG	2220
25	TTTTGCATCA	GTTGGTGATA	TAAATTTAAG	TGAGCCAAAA	GCGTTGATAG	GTTTTGCAGG	2280
	TCGTCGAGTT	ATTGAACAGA	CAATAAACGA	AAAATTGCCA	GATGATTTCC	AAACTGCAGA	2340
30	ATTTTTATTA	GAGCATGGAC	AATTGGATAA	AGTTGTACAT	CGTAATGATA	TGCGTCAAAC	2400
	ATTGTCTGAA	ATTCTAAAAA	TCCATCAAGA	GGTGACTAAA	TAATGTTAGA	TTTTGAAAAA	2460
	CCACTTTTTG	AAATTCGAAA	TAAAATTGAA	TCTTTAAAG	AATCTCAAGA	TAAAAATGAT	2520
35	GTGGATTTAC	AAGAAGAAAT	TGACATGCTT	GAAGCGTcAT	TGGAACGAGA	AACTAAAAAA	2580
	ATATATACAA	ATCTAAAACC	ATGGGATCGT	GTGCAAATTG	CGCGTTTGCA	AGAAAGACCT	2640
	ACGA <sup>CC</sup> CTAG	ATTaTATTCC	ATATATCTTT	GATTGCTTTA	TGGAACTACA	TGGTGATCGT	2700
40	AATTTTAGAG	ATGATCCAGC	AATGATTGGT	GGTATTGGCT	TTTTAAATGG	TCGTGCTGTT	2760
	ACAGTTaTTG	GACAACAACG	TGGAAAAGAT	ACAAAAGATA	ATATTTATCG	AAATTTTGGT	2820
	ATGGCGCATC	CAGAAGGTTA	TCGAAAAGCA	TTACGTTTAA	TGAAACAAGC	TGAAAAATTC	2880
45	AATCGTCCTA	TCTTTACATT	TATAGATACA	AAAGGTGCAT	ATCCTGGTAA	AGCTGCTGAA	2940
	GAACGTGGAC	AAAGTGAATC	TATCGCAACA	AATTTGATTG	AGATGGCTTC	ATTAAAAGTA	3000
	CCAGTTATTG	CGATTGTCAT	TGGTGAAGGT	GGCAGTGGAG	GTGCTCTAGG	TATTGGTATT	3060
50	GCCAATAAAG	TATTGATGTT	AGAGAATAGT	ACTTACTCTG	TTATATCTCC	TGAAGGTGCA	3120
	GCGGCATTAT	TATGGAAAGA	CAGTAATTTG	GCTAAAATTG	CAGCTGAAAC	AATGAAAATT	3180

55

	GGTGACATA AAGATATTGA ACAGCAAGCT TTAGCTATTA AATCAGCGTT TGTTGCACAG	3300
	TTAGATTCAC TTGAGTCATT ATCACGTGAT GAAATTGCTA ATGATCGCTT TGAAAAATTC	3360
5	AGAAATATCG GTTCTTATAT AGAATAATCA ACTTGAGCAT TTTTATGTTA AATCGATACT	3420
	GGGTTTTACC ATAAATTGAA GTACATTAAA ACAATAATTT AATATTTAGA TACTGAATTT	3480
	TAACTAAGAT TAGTAGTCAA AATTGTGGCT ACTAATCTTT TTTTAATTAA GTTAAAATAA	3540
10	AATTCAATAT TTAAACGTT TACATCAATT CAATACATTA GTTTTGATGG AATGACATAT	3600
	CAATTTGTGG TAATTTAGAG TTAAAGATAA ATCAGTTATA GAAAGGTATG TCGTCATGAA	3660
15	GAAAATTGCA GTTTTAACTA GTGGTGGAGA TTCACCTGGA ATGAATGCTG CCGTAAGAGC	3720
	AGTTGTTTCG ACAGCAATTT ACAATGAAAT TGAAGTTTAT GGTGTGTATC ATGGTTACCA	3780
	AGGATTGTTA AATGATGATA TTCATAAACT TGAATTAGGA TCAGTTGGGG ATACGATTCA	3840
20	GCGTGGAGGT ACATTCTTGT ATTCAGCAAG ATGTCCAGAG TTTAAGGAGC AAGAAGTACG	3900
	TAAAGTTGCA ATCGAAAAC TACGTAAAAG AGGGATTGAG GGCCTTGTAG TTATTGGTGG	3960
	TGACGGTAGT TATCGCGGTG CACAACGCAT CAGTGAGGAA TGTAAAGAAA TTCAAACAT	4020
25	CGGTATTCTT GGTACGATTG ACAATGATAT CAATGGTACT GATTTTACAA TTGGATTGTA	4080
	CACAGCATT AATACGATTA TTGGCTTAGT CGACAAAATT AGAGATACTG CGTCAAGTCA	4140
	CGCACGAACA TTTATCATTG AAGCAATGGG CCGTGATTGT GGAGATCTAG CATTATGGGC	4200
30	TGGATTATCA GTTGGTGCTG AGACAATTGT AGTTCCAGAA GTGAAAACAG ATATTAAAGA	4260
	AATAGCTGAT AAAATTGAAC AAGGTATTAA ACGTGGTAAG AAACACTCAA TCGTTCTTGT	4320
35	AGCAGAAGGT TGTATGACTG CGCAAGATTG TCAAAAAGAA TTATCACAAT ACATCAATGT	4380
	TGATAATAGA GTGTCTGTGT TAGGTCACGT TCAACGTGGT GGTAGCCCAA CAGGTGCGGA	4440
	TAGATTTTGA GCATCACGTT TAGGTGGATA TGCGGTAGAC TTATTAATGC AAGGTGAAAC	4500
40	AGCTAAGGGT GTTGAATTA AGAACAATAA AATTGTAGCA ACATCTTTTG ATGAAATTTT	4560
	TGATGGTAAA GATCATAAAT TTGATTATAG TCTATATGAA CTTGCTAACA AGTTATCTAT	4620
	ATAAGATTTT AGGAGGAATT ATAAAATGAG AAAAATAA ATTGTATGTA CAATTGGACC	4680
45	AGCTTCAGAA TCAGAAGAAA TGATTGAGAA ATTAATCAAT GCTGGTATGA ACGTTGCACG	4740
	ATTAAACTTT TCACATGGTA GTCATGAAGA GCATAAAGGT AGAATTGATA CAATTCGTAA	4800
	AGTAGCTAAA AGATTAGACA AAATTGTAGC AATTTTATTA GATACAAAAG GTCCAGAAAT	4860
50	TCGTACGCAT AATATGAAAG ACGGTATCAT TGAACCTGAA CGTGGCAACG AAGTTATTGT	4920
	TAGCATGAAT GAAGTTGAAG GAACACCTGA AAAGTTCTCA GTAACATATG AAAACTTAAT	4980

55

## EP 0 786 519 A2

TAAAGATATT GACCATGCTA AAAAAGAAGT TAAATGTGAT ATTTTAAACT CTGGTGAGCT 5100  
 TAAAAACAAA AAAGGTGTTA ACTTACCTGG CGTAAGAGTA AGTTTACCTG GTATTACAGA 5160  
 5 AAAAGATGCT GAAGATATCC GTTTCGGTAT TAAAGAAAAT GTTGACTTCA TTGCAGCAAG 5220  
 TTTCGTACGT CGTCCTAGTG ATGTTTTAGA AATTCGTGAA ATTTTAGAAG AACAAAAAGC 5280  
 TAACATTTCA GTATTCCCTA AAATTGAAAA CCAAGAAGGT ATTGATAATA TTGCCGAAAT 5340  
 10 TCTTGAAGTG TCTGATGGTT TAATGGTTGC ACGTGGTGAC ATGGGTGTTG AAATCCACC 5400  
 TGAAAAAGTA CCAATGGTTC AAAAAGATTT AATCAGACAA TGTAACAAAT TAGGTAAACC 5460  
 15 AGTTATTACA GCTACACAAA TGTTAGATTC TATGCAACGT AACCCACGTG CTACACGTGC 5520  
 AGAAGCTAGT GACGTTGCCA ACGCAATCTA TGATGGTACA GATGCAGTAA TGTATCTGG 5580  
 TGAAACTGCT GCTGGTTTAT ATCCTGAAGA AGCTGTTAAA ACAATGAGAA ATATTGCTGT 5640  
 20 ATCAGCTGAA GCAGCCCAAG ATTACAAAAA GTTATTGTCA GATCGTACTA AATTAGTTGA 5700  
 AACTTCATTA GTGAATGCTA TCGGTATTTT GGTTCACAT ACAGCTTTAA ACTTAAATGT 5760  
 TAAAGCAATT GTAGCTGCTA CTGAAAGTGG TTCAACGGCA CGTACTATCT CCAAATATCG 5820  
 25 TCCACATTCA GACATTATTG CGGTGACTCC AAGTGAAGAA ACTGCACGTC AATGTTCAAT 5880  
 TGTTTGGGGA GTTCAACCTG TAGTTAAAAA AGGACGTAAG AGTACAGATG CATTGTTAAA 5940  
 CAATGCAGTT GCAACAGCTG TTGAAACTGG TAGAGTATCT AATGGTGATT TAATCATTAT 6000  
 30 TACTGCTGGT GTACCAACTG GTGAAACTGG AACTACTAAT ATGATGAAAA TCCACCTAGT 6060  
 TGGTGACGAA ATTGCTAATG GTCAAGGTAT TGGACGTGGA TCAGTTGTTG GTACTACGTT 6120  
 AGTTGCTGAA ACTGTTAAAG ATTTAGAAGG TAAAGATTTA TCTGACAAAG TTATCGTTAC 6180  
 35 TAACCAATC GATGAAACGT TTGTACCTTA TGTAGAAAAA GCTTTAGGCT TAATTACAGA 6240  
 AGAAAATGGT ATTACATCAC CAAGTGCAAT TGTGGTTTGA GAAAAAGGTA TTCCAACAGT 6300  
 40 TGTAGGTGTA GAAAAAGCTG TTAAAAACAT AAGCAATAAC ATGTTAGTTA CGATTGATGC 6360  
 TGCTCAAGGT AAAATCTTTG AAGGATATGC AAACGTACTA TAATTTATAA AAAAACGTCT 6420  
 TTCCATTAT CAACAATGGA AAGGCGTTTT TTGGTTcATC TGGTATTTTA TGACGTAATT 6480  
 45 AATAGGTTAT TTGATAATGA TAGTGTATGA ATGGCAATCT ATATAAATGT TTATATCTTT 6540  
 TATACATGTA CATTATCACC TTCAAACCTT CACTCATATT ACTTTGAAA TTTATTATAA 6600  
 AATAGAAGTA TGGATGTATT TCTGAAATGA TACATTATTA AATAGATGAG AAAGTAAAAG 6660  
 50 TTTTGAGCCA AGTACGCAAT TTAATATTAT AAGTTGCATA TAAAACAGGA TGGGACATAA 6720  
 ATCCCTAAAA AAACAGCAGT AAGATAATTT TCAATTAGAA AATATCTTAC TGCTGTTCTC 6780

55

	ECTTCGACTG	GCACTGCTCC	CTCAGGAGTC	TCGCCATTAA	TACTACGTAT	TAACATGTAA	6900
5	TTTTACTTTT	ACATACTTTA	AAAAAATAAA	ACACTTTGCC	CAACTTGCAC	ATAAATGTAA	6960
	AATTCAATAA	AATGAATTTT	CTGTGTTGGG	TCCCTTCGTA	TAATTTAATA	AATACCACTA	7020
	AACTAAATTA	ACGAGGTGCC	TTATGTATAA	AATTTATAAC	ATGACCCAAC	TTACACTACC	7080
10	AATAGAAACC	TCTGTTAGAA	TTCCTCAAAA	TGATATTTTCG	CGATATGTTA	ATGAAATTGT	7140
	TGAAACGATA	CCTGATAGCG	AATTTCGATGA	ATTCAGACAT	CATCGTGGCG	CAACATCCTA	7200
	TCATCCAAAA	ATGATGTTAA	AAATCATCTT	ATATGCATAT	ACTCAATCTG	TATTTTCTGG	7260
15	TCGTAGAATA	GAATAATTAC	TTCATGACAG	TATTCGAATG	ATGTGGTTAG	CTCAAGATCA	7320
	AACACCTTCT	TATAAACTA	TTAATCGTTT	TAGAGTGAAT	CCTAATACTG	ATGCGTTAAT	7380
	TGAATCTTTA	TTTATTCAGT	TCCATAGTCA	ATGTTTAAAG	CAAAATCTTA	TTGATAATAA	7440
20	TTCAATTTTT	ATTGATGGTA	CAAAAGTAGA	AGCTAATGCC	AATAGATATA	CATTTGTGTG	7500
	GAAGAAAAGT	ATTCAAAATC	ACGAATCGAA	ATTGAACGAA	AATTCAAAAA	CATTATATCG	7560
	TGACTTAGTT	GAAGAAAAAA	TAATACCAGA	GATAAAAGAA	GATGGAGATA	GCGATTTAAC	7620
25	AATAGAAGAA	ATAGATTTAA	TTGGTAGTCA	TTTAGATAAA	GAAATCGAAG	ATTTAAATCA	7680
	TTCTATTGAG	AACGAAGATT	GTGCTCAAAT	TAGAAAACAG	ACCCGTAAAA	AAATAACTGA	7740
	GATTAAGAAG	TTCAAAAAGA	AATTTGATGA	TTATTCCGAA	AGAAAAAATA	AATATGAAGA	7800
30	ACAAAAATCG	ATTCTTAAAG	ATAGAAATAG	TTTTTCTAAA	ACTGATCTGA	TCATGATGCA	7860
	ACTTTTATGA	GAATGAAGGA	AGACCATATG	AAAAATGGCC	AACTTAAGCC	AGGATACAAT	7920
35	TTACAAATAG	CGACAAATTC	TCAAAAATGT	TTTATCCTAT	GACCTATTTT	AA	7972

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 313:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3175 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 313:

	ATTTTTTAGT	TAATTGTCTT	TCTTAAATA	ATTTTAGCTT	TCATTAAATT	AAACAATTTT	60
50	ACAAGCTTGG	AACACCAATC	AAAATCCTAA	GTTCTAAAT	GCAATATTAG	TAGTCGTTGA	120
	CTGAATGAAC	ATATGCTTAT	AATATTTTTT	TGCAATGCTA	GTCAAGTTGA	TTTATGCTCA	180
	CAAGGATATG	CGATTTATAT	TTTCTTACAA	CAATGAAAT	GCCTGATACA	ATGCGATCCT	240

AATTAAATTA TTGTTGTTTT AACCATGTGA CTATCGTCGG AATCATAAAT CCTGTTGGCC 360  
 CTTTTGGACC ATTATATGAA GCTTTATTAG TCGTTGCTGG ACCTGCAATA TCGAAATGAA 420  
 5 TGTGAGGTGT TTGACCACTA AAATGTGTTA CAAAACCTGC CGCAAATAGC GCTTTACCTT 480  
 GTCCATTTCGT ATGGTTAACT AAATCAGCGA TATCACTGTG TTTAATACTT GCACGTTCCG 540  
 TTGCAGTAAT CGGTAATTCA AATACCATTT CATCGACTTC AGAACTTATT TGTAATATAT 600  
 10 CGTTTAATAT CACTTTACTA TTCGATTCAA ATGCAGCAGC TTTATCATCG CCTAGTGCAA 660  
 CAATTGCTGC ACCCGTTAAT GTAGCAAAGT CCATAATCAC ACTAGGCTGA TATTGATTTG 720  
 CATAAAACAC AGCATCTGCA AGGACTAATC TACCTTCAGC GTCTGTATTG ATTACTTCTA 780  
 15 CAGTTTCACC ACTTAATGCT GTAAATACAT CATCTGGcTT CATTGATGCT TCATTTATCA 840  
 TATTTTCAGC ACACGCAAGC ACTCCGACAA TATTTACAGG CAGTTGTAAA CGAcTAGCCG 900  
 20 CTTCAATGAT ACCAACGACA TTCGCAGCGC CACACATGTC AAACCTTCATT GTAGCCATGC 960  
 CATTCTTCGT TTTAATACTA TAACCACCAG AATCATACGT TATACCTTTA CCAACTAAGG 1020  
 CAATTGGTGC TTCATCTTTG TCTTTGCCAT TATATGTGAT GGTTACTAAt CTCGGTTTAT 1080  
 25 GCTTACTACC TTTACCTACT GCTTGTAATA GTCCGAATCC TTCAGAACT AAAGTGTGAT 1140  
 AATCTTTAAC ATCTACTTTG ACCTTTGTAT TTTTAAATG ATTAACAATA TCTTCTGcAA 1200  
 ATGTTTGTGG TGtTAATACA TTCGGTGGcA TATTACTAAA GTCTCyTGcC AAATTAATGG 1260  
 30 aTTGGcCAAT ACTGATACCC TCATGAATAA AATCTAATTC AATTAATGAT TCACTAATAA 1320  
 GgkTTAAATT CGTCTTAAAC GGTGCCTTCT KACTTgrTTT ATAATGATCG aATyCATATG 1380  
 kTGcACGCTC ACTTTGGAAT ACCGCATGCC ATTAATACAT CTGgATAACT GgATCcATAT 1440  
 35 TTTGgAnATA AATGaATCCa TAAGTAAATA CGTATCTTCa ATGTGTTCTG ACTTTATGTA 1500  
 TTGAAAAGA TGTCCCCaTA TTTTCAACAT ATCTTGATAA cACGTGTCTT TAAGTTTCCT 1560  
 40 AAACCAACTG TAATTAAACG ATATGTTTGA TCTGTACAT CAAATGCAGT TGTATAATC 1620  
 TTCCCAACTT TACTACCAAT AATATGTTGA TGTTTTAGTC TTTCAAGTGA TTCTGTAATA 1680  
 TCGATATGAT TAAAACTAAT GCGCTCTAAC TGATTTAAAT GTTCTGGTAT ACCAATAATC 1740  
 45 AATGTATTTA TTTGTTGCT TAGTGTGTTA TTTAATTTAA AATTCATAAT GTACCTCCTT 1800  
 AGATTTGATA TGTTACTCAC TTCAAATTGT ACAACAATAA AGCCCTcAGT GACACTGAAG 1860  
 GACTTTATAA ATGAATAATT TAATTTTATG TGTTTAGCTG AAACCTTATT TAAAGCCTAG 1920  
 50 AATTTACCTT TTTTGAATGC TAAACCGATA CCACCGATTT TGAATACCGC ACGTGTATCA 1980  
 ATCACTTTTT TCATGAATGC TGCTTTTTTA CCAGCGATAG GTTTACCAAA TACCATACCT 2040

55

GTTGATTAC CGTTTAAGAT GCGTTTAATG TTTTAGCAA CACTTTCACC TTGTTGCATT 2160  
 GCAATTTGTG CTGTAGTTGG TAATGGACGT TCTTCTCCAG CTGGGATAAA CGCTGAACAG 2220  
 5 TCACCAATAA CAAAAATGTT GTCGTAACCA TTGATTGTGA AATCTTGCTT TGTAACGATA 2280  
 CGTCCACGTT TAACGCCTTC AAATGATTCT TCCATTAAATT TACTACCACG TACACCAGCT 2340  
 GCCCATACTG AAGTACCTGC ATTTAATTGT TGTTTTTCAC CATCTACTTC AACTACAAAA 2400  
 10 CCTTTTTCGT TACAAGCAAC GATTGGTGTA GCAATTTTAA ATTCAACACC GCGGTCTTCT 2460  
 AAGTAGCTAA CTGCGTGGTT AACTAATTCT TCTGAGAACA TTGGAACAT TTTAGGTGCT 2520  
 GCTTCAACAC AAGTGATTTT AACTTTATTT TGATCCACAC CATATTTGCT ACATAATTCA 2580  
 15 GGAATTCTGT CTGTTAATTC ACCTAAGAAT TCAACACCAG TGAATCCAGC ACCACCAACT 2640  
 AAGATAGATA AATCGTTATC ATCTTTTTCT TTTGATGCTG CATAGTTAGC AAATTTGTCT 2700  
 20 TCGATATGAC GTGATAATTC ACGTGCTGTG ATAACATTTT CAATTTGGAA AGCATGATCT 2760  
 TTCATACCTT CGATGCCGAA TGTTTCACTA ACGAAACCTA ATGCTACTAC TAAAATATCA 2820  
 AAGTCATAAA TACCTTGATT TGTTTCTACC TTTTTCAGCAT CACGGTCAAT TTTTGTACT 2880  
 25 TCTGCTTGAA CAAAGTTCAC TTTGTCTTTC TTCAAGACAC TTTCCACAGG ATATAATACA 2940  
 TCTTCATAGT TTAGTGTACC TGCTGATGCT TCATGTAACC ATGTTGCTTC ATAGTGATAT 3000  
 TCATTTTTAT TAATAAGCGT AATTTCTGCT TCTTCTGTTG ATATCGCTTT TTGCAATTTA 3060  
 30 GTTACAGTTT GTAAACCTGC ATAACCAGCA CCAAGTACAA GTACTTTTTT ACGATCTTGA 3120  
 GCCATTTAAT TnCACCTAAG CnTTTCATATT TTTTAAACCA AATGCTGATA ATTAC 3175

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 314:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 702 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 314:

45 CATCATTATT AAAGATTTTC AATCAATACA gAATCACAAT ACGTACGCAT TGTGCACGAT 60  
 AAAAATACAG ATGTGTATAT TAACTATGAA CTACAAGAGC AACTAACGAA CAAAGCTTAC 120  
 ATTGGTGATC ATATTTATGT TGAAGGGATA TGGCTCGAAG TACAAGCTGA TGGTTTAAAT 180  
 50 GTATTGAGTC AGAATACAGT GGCATCGTCA TTAATTGCTT TAACACAAGA GATGCCACAT 240  
 GCACAGGCAG ATGATTACAA TACGTACCAT CGTTCGCCAA GGATTATTCA CCGTGAACCG 300

TGGCGTTCCA TTATACCGCC ATTAGTAATG ATTGCTTTAA CTGTTGTCAT CTTTTTAGTG 420  
 AGACCAATTG GTATTTATAT TTTAATGATG ATTGGTATGA GTACAGTAAC GATAGTATTT 480  
 5 GGTATTACAA CGTATTTCTC TGAAAAGAAA AAGTATAACA AAGATGTTGA AAAACGAGAG 540  
 AAAGATTACA AAGCTTATTT GGATAATAAA TCTAAAGAAA TTAATAAAGC GATTAAAGCA 600  
 CAACGTTTTA GTTTGAATTA CCATTATCCA ACGGtTGCTG AAATTAAAGA TATCGTTGAA 660  
 10 ACGAAAGCAC CAAGAATATA TGAAAAAACC ATCGGCATCA TC 702

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 315:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 315:

TATGTTCCGA CAACGAAACA AAGTGTAATT ACAAGAGCAA AGATAACTTT GAATGTTTGT 60  
 25 AAACGTCCAT CTTTACCTTC AGTTAAATGC ATGAACATTA ATAATTGArG TCCTGCTTGG 120  
 ACGAATGCAA AGCCAAAGAT AATTGTCAAC TTCGCGTGGA ATGTTAATGA CGTGTATAGT 180  
 GTTACGTAAA CTGCTAAAAG CGTTAATACG ATAGATGCGA TAAATCCTAC AGTATGTTTC 240  
 30 ATTATTGTAC TCATCCGCTA TACACCATCC CTATCATATA TACGGCAGTA AAGATGAAAA 300  
 CCCAAACAAC ATCTAAGAAG TGCCAGTATA AACTTACTAT AAATAATTTT GGCGCATTAT 360  
 35 ATTTGTCTAA TCCGCGTCGT TGGATTTGGA TTAATAAACA AATGGCCCAA ACGATACCTA 420  
 GCGATACGTG ACAACCATGC GTTCCTAATA GGATAAAGAA ACTAGACCAG TAAGAACCAA 480  
 TTGTTGGGTT AACGCCTTCT GATGCATAGT GTGCGAATTC ATAAATTTTCG AATCCAACAA 540  
 40 AGACTAAACC TAAAAGTAAC GTAATGATCA TCCAAAACAT CATTAACTTT TGTTTTTCTT 600  
 GGCGCATGTA GTAAATAGCA ATACCACATG TGTAAGAACT GAATAATAAT GCAAACGTCA 660  
 TTATTAANAAC AAGAGGCAAT TCAAATAACT CAGTAGTCAT TTTACCTGCA TAATCGCCAC 720  
 45 CATGTTGCAA AGTTAATAGT GTCGCAAATA GGGTACCGAA TAACGCAAAT TCGGCTGTAA 780  
 TGAAAAATCCA AAAGCCAAGC TTATTTAATT CGCCTTCATG TGTGCGTGAA TCAATAGTGT 840  
 TTGTATCATG ACTCATGACT TACAGCCTCC CTTTCTTTAA TACGCGCTTC TCTTAATCTA 900  
 50 GCTTCAGTTT CTGCAACTTC AGCAGCAGGG ATATGATATC CGTGATCGAT TTGGAAACTG 960  
 CGATAAATCA TAGTACCAA AATACCGAAT AAACAAATTA ATGCTGGAAT TACAGTTTCG 1020

	TTGTTTGGCA	TATGAATGTC	TTTGTAAATTA	TGGTTGTCTA	AGTAATGACG	ACCATGTTCT	1140
	TTCATATCAA	CAAATGTGTC	GTAGTCATT	CAATCTGGTG	TAATGGCAA	GTTGTATTTA	1200
5	GGTGAATTG	CTGATGCAGT	AGTCCACTCT	AGAGTACGAC	CAAGGCCATC	CCAGTTATCT	1260
	CCAGTTGCTT	CACGTGGAGA	TTTGAAGTGA	CTGTATACGA	TACTAACAAC	AAGGAATAAG	1320
	AATCCGATTG	CCATTAATAA	TGCACCGATA	GTTGAAATTA	AGTTTAATAA	GAACCAACCA	1380
10	TCTGATGGCA	TATAAGTGTA	TAAACGACGT	GGCATACCAT	CTAATCCAAG	AATGAATTGT	1440
	GGTAAGAAAC	AAACGTTAAA	TCCGATCATG	AAGAACCAGA	AGCACCATT	GTTTAATGTT	1500
15	TCGTTTAATT	TGTAACCCAT	CATCTTTGGA	TACCAGAAGA	TTAAACCAGC	TAAGCAGGCA	1560
	AATACAACAC	CAGTAACCAA	TGTATAGTGG	AAGTGAGCTA	CTAAGAAGTA	CGTATTGTGA	1620
	TATTGATAGT	CAGCTGATGC	CATTGCTAAC	ATTACACCCG	TAACACCACC	TAAAAGGAAG	1680
20	TTAGGGATAA	ATGCTAATGA	GAATAGCATT	GGTGACTCAA	ATGTAATACG	TCCTTTATAT	1740
	AATGTTAATA	ACCAAGTTAA	CAATTTTACA	CCAGTTGGAA	TACCAATCAG	CATTGTTGAA	1800
	ATTGAGAAGA	ATGAGTTGAT	TAACGCACCA	TTACCCATTG	TGAAGAAATG	GTGAACCCAA	1860
25	ACTAAGAAAC	TAAGGAACGC	GATACCGGCA	GTTGCCATA	CCATACTTTG	ATGTCCGAAT	1920
	AAACGCTTAC	GAGCGAATGT	CGGGATAATT	TCTGAGTAAA	TACCAAATGC	TGGAAGGATA	1980
	ACGATATAAA	CTTCAGGGTG	CCCCCATACC	CAGAAGAAGT	TAGCCCAAAG	CATTGGCATA	2040
30	CCGCCATGTG	CAACTGTGAA	GAATGCTGTG	TCAAATATTC	TATCAGTTGT	CATTAATGCT	2100
	AACGCTACTG	TTAAAGGAGG	GAAAGCAAGA	ATAACAATTA	ATGTAGTAAT	AAATGTTGTT	2160
35	ACTGTAAACA	TTGGCATTG	CATAAACTTC	ATAGTTGGTG	TTTACATCT	TAAAATTGTT	2220
	ACAAAGAAGT	TGATACCTGT	AGCTAAGGTA	CCAAGCCCTG	AAATTTGTAT	AGCTATTAAG	2280
	TAATAGTTAA	CACCCGACC	AGGACTGAAT	TCACCTGCTA	GTGGCGCATA	GTTTGTCCAA	2340
40	CCAGCTGCTG	GTGAACCACC	AATAATAAAT	GACAGGTTGA	ATAAAATCAT	ACCTGCAAAG	2400
	AATAGCCAGA	AACTTACGTT	GTTTAATACT	GGGAATGCAA	CATCACGTGC	TCCAATTTGT	2460
	AATGGAACAA	CGATATTCCA	TAAACCAAAG	ATAAATGGCA	TTGCCATGAA	GATAATCATG	2520
45	ATTACACCAT	GTGTACTAAA	AATTTGTTA	TAGTGGTTAG	ATTCTAAAAA	TTTGTTATCA	2580
	GGTACTGTTA	ATTGCGCACG	AATAAGTAAC	GCATCAATAC	CACCACGGAC	GAACATTAAT	2640
	ACGGCACAGA	TTAAATACAT	AATACCGATT	TTCTTATGGT	CTACAGATGT	GAACCATTCT	2700
50	TTGTAAAGAT	ATTTCCATAA	TTTAAAGTAA	GTAATTACTG	CGATTAAACC	AATAACTAAG	2760
	AATGGGGCAC	CAATTTGTGC	CATTGTAATC	ATCAGTTAC	CTTAACTAG	TAATTGATCC	2820

55



EP 0 786 519 A2

	TTGAAATTTT CTTCAATTTCT TTCGCATTTT TCGATTTCATC TTTCTTGAAC TCATTGTTAT	2940
	ATGGTTCGTC ATTTCCAAGA ATCATCAACT TCATACCATG TCGTTTATAG TTCGCATTTG	3000
5	TAATTTGAGC TTTACGAGCA GGTATTAATG GTTTGTCTGA TACATCTTTA AACATATTTT	3060
	CTTCACTAGT GAAGTTTGGA TCTTTCAATT CGAAATTGAA ACGTTTATAT GCATAGAAGA	3120
	TGTATTCTGG ATCGGCTGCT GGATCAACAA ACGCCATATG TGTACCATTA AATTCTAAAG	3180
10	CTTTATTAGG TGTGCTTGGT AATAATTGTT TATCAAATGT ATCTTGATCT AACGTTTTCT	3240
	TACCTTTAAC TTCTTTCACC CATTTGTCGT AGTCTTTTTG ACTAACGGCA TTTACTTTAA	3300
	ATGTTTGACG TGAGAATCCT TCACCATTGA AGTTAGAGTT ACGACCTCTG AACGTACCAG	3360
15	TTTGAGATGC TTCTAACGTC CAATTCATTG TCATGCCAGT CATGGCATAT TTTTGACCAC	3420
	CTAATTGTGG AATCCAGAAA CTTGTCATTG TATCCATAGC TTGAAGCTTA AATACAACAG	3480
	GACGATCTTT AGGGATTGTT AATGTATTAA CAGTCTCTAT ATGTTTCATCT GGATAAGCAA	3540
20	AGAACCATTG GTATCCTGCA CTTACTGCAT ATACAACCAT TGGATCTTTC TCACTCTTCG	3600
	GTGGTTTTTC GTAATCGTAT AAAGTTTTAA CTGTAGGAAT AGCTAAAGCA GCAACGATTA	3660
25	TGATAGGTAT TACAAACCAT ATTGTTTCAA TGATGGCATT ATGGTGCATC TTACCAGATT	3720
	CGGCATTCTT ATTATAACTA TACTTGTAAG TAAAAATGGC GAACATGCCA AGTACAACGA	3780
	AACAATAAC AAGCATGAAG ACGATTGAAT AAAGAATCAA GAACTTCTGA CTACTTGCTA	3840
30	CTGGCCCTTT TCGGTTGAAA ATTTCTATAT TTGAACAACC ACTAAGTAAA ATTAGTGTGC	3900
	CAAATAATAG AAGCAAAGAC TTAAATTTTG ACACTTTTTT GACCTCCTAA TACTACAAAT	3960
	GTAGGGCTTA ACATTAATTT TAAGTTATTA CACAATATTT ACAAGGGCTT ATGGGAAAAA	4020
35	AATTAATAAA ATTGTATCAA AAATGTTGAT AAATCAAGGT GTGACGTGGG TTCACACATT	4080
	TGTTAAAATT ATGTGTACAT TTTGTGACTA ATAGCGTTTT T	4121

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 316:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9310 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 316:

50	CGAGTGAGTA CAmACATATT TTTATTTGCA AGGGGTAAAT GGCATATAAC TATCTTTTTT	60
	ATGTAAGCTG GTATAAAATT TATACTAATA GGAGGGATAG TATGAATATA GTAGGGCATC	120

## EP 0 786 519 A2

	TTGGATTACG	ATTAGTTGAA	AAGTCGGTTA	ATCAAGACAA	TCCTTCAATG	TATCATTTGT	240
	TTTATGGGGA	CGAAgTAGGT	ACAGCCGGAA	CAATTTTAAG	CTTTTTTGAA	ATTCCCAATG	300
5	CGGGTCATAA	GCAGCCAGGT	ACTGAAACGA	TTTATCGATT	TTCATTATTA	GTACCAAATC	360
	AAGCGGCACT	TCATTATTTT	GAAAAACGTC	TTGAGAATAA	TGGTATTAAG	TCTGAACGTT	420
	TGTACTATCT	TGGACAAGAA	GGTGTGTCT	TTAAAGATGA	AGACGACTTA	GAAATCATAT	480
10	TGCTTGTTAA	TGATAGTTTT	GAAGTACCAC	ATCAATGGCA	ACATAACGCT	TATAGTGAAA	540
	TACCTCAAGC	ATATCAAATT	TTAGGAATAG	GGCCAGTCGA	ATTAAGAGTT	AGAAATGCAG	600
	CGCGTACGGT	AGAATTTTTG	GAAAAATGTCT	TAGGTTATCG	CAAAAGAGAT	AATAAATCAT	660
15	TCGATGTGCT	GACATTAGCA	CCACAAGGTT	TATATTCGGA	TTTTGTAGTT	ATTGAGCAAC	720
	AGGGACAACG	TGAAAGACCT	GGACGAGGTT	ATATCCATCA	TATTGCAGTT	AATACACCAC	780
20	AAATGAGTGA	CTTAGATGCA	ATTTACAAGA	AATTACAACA	ACAACCACAA	AGTAATTGAG	840
	GTATAATTGA	TCGCTATTTT	TTTAAATCAT	TATACTATCG	CCATAATTCA	ATTATGTATG	900
	AATTTGCGAC	TGAAGCGCCT	GGATTTACTA	TTGATACACC	TGTTGAACAA	TTAGGAAGTC	960
25	AATTGAACTT	GCCTGACTTT	TTAGAAGCAG	AACGTGAACA	AATTGAAAGT	AAGTTACACG	1020
	AAATATAAAG	GAGAATGTTT	AATGGCCAAA	TTAGAAATGA	ATAAAAATAC	GCCTCTTGAG	1080
	TTTGGTTTGT	ATTCTTAGG	TGATCATTTA	TTGAATCCAT	TGAAAGGTGA	AAAAGTTAGT	1140
30	TATGAGCAAC	GTATTAATGA	AATTATTGAA	GCAAGTAAAT	TAGCAGATGA	AGCAGGTATT	1200
	GATGTTTTTG	CAGTTGGTGA	AAGTCATCAG	GAGCATTTTA	CAACACAGGC	ACATACGGTT	1260
	GTGTTAGGTG	CAATTGCCCA	AGCGACAAAG	CATATTAAAG	TTTCAAGTTC	TTCAACGATT	1320
35	ATTAGTGCAc	AGATCCTGTA	AGAGTATTTG	AAGACTTCGC	GACATTAGAT	TTGATTTCTC	1380
	ATGGTAGAGC	CGAAATTGTA	GCTGGCAGAG	CATCAAGAAC	AGGTATTTTT	GACTTGTTTG	1440
40	GCTATGATTT	AAAAGACTAT	GATGAATTGT	TTGAAGAAAA	ATTAGGTTTA	CTTTTAGAGT	1500
	TAAATAAAAC	TGAGCGTATT	ACTTGGTCTG	GAAAATATCG	TCCAGAACTT	AGAAATATGA	1560
	AAATATTCCC	AAGACCAATC	GATAATATAT	TGCCAATATG	GCGTGCTGTT	GGTGGTCCAC	1620
45	CTGCAAGTGC	TATTAAAGCG	GGAAAACAAG	GTGTGCCAAT	GATGATTACA	ACCCTTGGTG	1680
	GCCCAGCAAT	GAACTTTAAA	GGTCTATAG	ATGCTTATCG	TCAAGCGGCA	ACTGAAGCAG	1740
	GTTTCGATgc	TTGCCTAAG	TCTTTACCAG	TAAGTACAGC	GAGTCTGTTT	TATACAGCTG	1800
50	AAACAACCTCA	GGATGCTATG	AGAGAATTTT	ATCCACATTT	GAATACAGGG	ATGTCATTTA	1860
	TTCGTGGTGT	TGGTTATCCG	AAACAGCAAT	TTGCTAATTC	GTCAGATTAT	CGAGAAGCGC	1920

55

## EP 0 786 519 A2

	GTCATCAACG	TTTTATGGCA	CAGCTTGATT	TTGGCGGTGT	GCCATTTGAA	AATGTTATGA	2040
	AGAATATTGA	GTTAATTGGC	AACGACATTA	TACCGGCGAT	TAAAAAGCAT	TTATCAAAAT	2100
5	AGGAGGGGCG	TCATCATGAA	TATTGTATTA	TTGTCAGGTT	CCACAGTAGG	TTCTAAAACG	2160
	AGAATTGCTA	TGGATGATTT	AAAAAATGAA	CTAGAAGTCA	TCAATGAGGG	ACATCAAATA	2220
	GAGTTGATGG	ATTTACGAGA	ACTTGAATTA	GAATTTAGCG	TTGGAAAGAA	TTATCTAGAT	2280
10	ACTACAGGAG	ATGTATATAA	ATTAACGACG	TCGTTAATGC	AGGCTGATGT	GATTTTATT	2340
	GGTTTTCCAA	TTTTTCAAGC	TTCCATCCCT	GGTGCTTTGA	AAAATGTGTT	TGATCTACTT	2400
	CCAGTCAATG	CGTTTCGTGA	CAAGGTAATA	GGACTTGTAG	CGACAGCAGG	TTCTAGTAAA	2460
15	CATTATTTAA	TTCTGAAAT	GCATTTAAAA	CCAATATTGA	GTTACATGAA	AGCACATACG	2520
	ATGCAAACGT	ATGTATTTAT	TGAAGAGAAA	GATTTTCAA	ATCAACAAAT	TGTCAATGAT	2580
20	GATGTTGTAT	TTGGTTTAAA	AGCGTTGGCA	CAATCCACAA	TGCGAACTGC	CAAAGTACAA	2640
	CAACAAGTGT	TTGAAGAAGA	AAACAACCAA	TACGACTTTT	AAAGTATAAA	AATAAGACGC	2700
	TCGGCACACT	AAATTTGTAA	GTGTTTGAGC	GTCTTTTCAT	ATTAACATA	TAGCCAATGA	2760
25	ACGACGATAA	AGGCAAGTGA	TGACAAGCAT	ATTGAGGTAA	TAATGATTGT	CATAAGCGGT	2820
	TTAAGTGCGC	GATTTTAAAG	ATCTTTAAAT	GCAACATTTA	ACCCTAAAGC	AACCATGGCC	2880
	ATTAATAAGC	AAATTGTTGA	TACAGTATTT	AAAATATTTA	GCAATGCTGA	CGGAATAGTT	2940
30	ACATATGTAT	TCACTAAGGC	CATAATGACA	AATCCAATTA	AAAAGTATGG	AATGCTTATT	3000
	CGACCCTTGC	TAGATGATTC	TGATGAACGG	AAACGCATAA	TTAAAATAAG	TACGATGGTT	3060
	AATGGAATCA	GTAAGAATAC	TCTACCAAGT	TTACCAAGAA	GTGCAATTTT	AAGTGCATCA	3120
35	CTACCACCAA	AGCCACCAGC	TAAGACAACG	TGTGCAATTT	CATGAAGACT	AACACCAGAC	3180
	CAAGCGCCAT	AAACATTTGT	CGTCATTGAA	AAGATAGCGT	AGATAGCTGT	ATATATAAGT	3240
	GAAAATATCG	TACCAATCAA	TGCGATGATA	CCGATACTAA	TAGCTGTATC	CTTTTCACGT	3300
40	GATTTGAATA	TTGGAGCGAC	TGCGGCAATA	GCAGCAGCAC	CACAAACGCC	TGTGCCGACA	3360
	CCTAGTAATA	ATGCGATGTT	TTGTTCACCA	TGCAACAGTT	TGTTGACAAA	GAGCATCATT	3420
45	ACAATACTGA	AAATAACGAC	ACCTACATCG	ATGGCTAATA	GTTTACTACC	TTGACCGATA	3480
	ATATCGAATA	TATTGAGTTT	AAGTCCATAT	AGGATGATTG	CAAATCTTAA	TAAATATTTA	3540
	GATGAAAACG	TAATACCTGA	GCTATATTGT	TCAGGATATC	CTCTAAAGTG	ACGATATAGA	3600
50	ATAGCGATTA	ATATCGCGAT	AGTTAATGCG	CCAACCTTAT	CTAGGATTGG	CAATTTAGCT	3660
	GCTAAAAGC	TAAATAATGC	GACTATAAAT	GTTAGTGATA	GCCCAATCAT	AAAATGCTTA	3720

55

	ATTTTAAAT ATAAATTTGG AATGAATAAT AAAGTAGTGA TTAAATTAAG TTGTGTGATA	3840
	GGAAACTTGG ACATCAATCA AAGTAATAGG CACTACAACG CTTATTGGCG GGGCCCCAAC	3900
5	AAAGAAGCTG ACGAAAAGTC agCTTGcaAT AATGTGCAAG TTGGGGATGG GCCCCAACAT	3960
	AGAGAAATTG GGTCCGTAAT TTCTACAGAC AATGCAAGTT GGCGGGGCCC CAACATAGAG	4020
	AATTTGAAA AGAAATTCTA CAAGCAATGC AAGTTGGGGA AGGACAACAA ATTTAAGATA	4080
10	CAATGCGTAA CATTAAATATG TTATTATAAT GATAATTTAC AGAATTATAT GAAAAATGAA	4140
	TGAGGATGTG ATGGTATGTT TGGAATGAAA GTGAATGAAC AAATAACATT AAAAATTTTA	4200
	GAAGCTCATG ACACAGAAGC GCTTTTCAAT TTAGTCAATC GTTCAAGAAA TTCACTTAGG	4260
15	GAATGGTTAC CTTGGGTAGA TGCAACTGAG CAACCATCAG ATACGCGTGC ATTTATTAAA	4320
	AGAGGACTTT TGCAATTTGC TGATGGTAAT GGATTTCACT GTGGCATTG GTATGAAGGA	4380
20	ACGCTAGTTG GTGTCATCGG TTTACATGAA ATTAATCACA TGCACAGAAA AACTTCATTA	4440
	GGGTACTATT TAGATAAAGA ATTTGAGGGT CATGGGATTA TGACACAAGC AGTTGAGGCA	4500
	TTGATAAAGT ATTGTTTCGA AGAGCTTGAC TTAAACCGAA TTGAGATTAG TGCCGCAGTT	4560
25	AATAATGAAA AAAGCCGGGC TATTCCTGAA AGGCTGGGAT TTAGTAGAGA AGGTATGTTA	4620
	CGTGACAATG AATTACTAAA TGGTATTTAT TCATCGAGTT ACATCTATAG TTTATTAAAA	4680
	TCAGAATACG ACCAAAAATG ACAAATTAGA CTTACAAAAG AGTGATGACA TTTAAAATGG	4740
30	CAGCGCTCTT TTATTTAATT TTTGAAAATA AAAGGTGTT GACAGTATTA TTTTATAACA	4800
	ATATAATGAT TTTGATAATT ATTATCAACT AGATGATGTT TATGGGAGGA TGCTTTAAAA	4860
	CAGCCGTTTT AAGTGTAATG TATTATTTTA GCGTGTAGGG AATGCGAAAA TAATATTTAT	4920
35	AAGAACACAT CTATGGGGAT AATAGAATTT CTATAATGAG GTGTCAAAAT GAAAAAGTTA	4980
	ACAACGCTAT TATTAGCATC AACGTTATTA ATTGCTGCAT GTGGGAACGA CGATAGTAAG	5040
	AAGGATGATT CAAAGACATC GAAAAAGAT GATGGTGTTA AAGCAGAATT AAAACAAGCA	5100
40	ACAAAAGCAT ATGATAAATA TACTGATGAA CAGTTAAATG AATTTTTTAA AGGTACAGAA	5160
	AAATTTGTGA AAGCGATTGA AAATAATGAT ATGGCCCAAG CAAAAGCGTT ATATCCAAAA	5220
45	GTTGATATGT ATTATGAACG CTCTGAACCA GTTGCAAGAG CATTGGGAGA TTTAGATCCT	5280
	AAAATTGATG CACGCTTTCG AGATATGAAA GAAGAGAAAA AGGAAAAAGA ATGGTCAGGA	5340
	TATCATAAGA TTGAAAAAGC ATTATACGAA GATAAGAAAA TTGATGATGT GACTAAAAAA	5400
50	GATGCACAAC AATTATTGAA AGATGCAAAA GAATTGCATG CCAAAGCTGA TACATTAGAT	5460
	ATCACACCAA AATTAATGTT ACAAGGTTCT GTTGACCTAT TAAATGAAGT TGCAACTTCT	5520

55

	GTTGAAGGCG	CACAAAAAAT	TTATGACTTA	TTTAAACCTA	TTTTAGAGAA	AAAAGATAAA	5640
	AAATTAAGTG	ATGATATCCA	AATGAACTTC	GATAAAGTGA	ATCAATTATT	GGATAAATAT	5700
5	AAAGATAACA	ACGGCGGTTA	TGAGTCATTT	GAAAAAGTAT	CGAAGAAAGA	CCGTAAAGCA	5760
	TTTGCGGATG	CTGTTAATGC	ATTAGGAGAG	CCACTAAGTA	AAATGGCTGT	GATTACTGAA	5820
	TGACAAATTA	TGAACAAGTT	AACGATAGTA	CGCAATTTTC	AAGACGTACA	TTTTTGAAAA	5880
10	TGTTAGGTAT	TGGCGGTGCC	GGTGTGCAA	TTGGCGCAAG	TGGTGTGGT	AGCATGTGGT	5940
	CTTTCAAATC	AATGTTCAAT	ACACCAGAAG	ATCCGGAAAA	AGATGCGTAT	GAATTTTATG	6000
	GTAAAGTGCA	ACCAGGCATT	ACCACACCCA	CGCAAAAAAC	ATGCAATTTTC	GTTGCGTTAG	6060
15	ATTTGAAGTC	AAAAGATAGA	GATGCAATTA	AGGCAATGTT	TAAAAAGTGG	ACGGTTATGG	6120
	CTGATCGTAT	GATGGATGGT	GATACAGTTG	GCAAGCCGAG	TAACAATCCT	TTAATGCCAC	6180
20	CAGTAGATAC	CGGTGAATCG	ATAGGATTAG	GTGCAAGCAA	GTTAACGATT	ACCTTTGGGA	6240
	TTAGTAAGTC	TTTGATGAAG	AAAATGGGT	TATCTAGTAA	AATTCCCGAT	GCCTTTAAAG	6300
	ATTTACCGCA	TTTTCCGAAT	GATCAGTTAA	TAGACGATTA	CAGCGATGGT	GATATTATGA	6360
25	TTCAAGCATG	CTCAAATGAT	TCGCAAGTAT	CCTTTCATGC	GGTTCATAAT	TTAGTTCGTC	6420
	CATTTTCGAGA	TATTGTAAAG	GTACGTTGGG	CGCAATCTGG	TTTTATCTCT	GCTAAAGGTA	6480
	AGGAAACACC	TAGAAATTTA	ATGGCATTTA	AAGATGGAAC	AATTAATCCT	AGGAAGAATA	6540
30	ATCAACTTAA	AGATTATGTG	TTTATTGATG	ACGGATGGGC	GAAACATGGA	ACTTATTGCG	6600
	TTGTCAGACG	TATTCAAATA	CACATTGAAA	CGTGGGATCG	TACTGCGCTG	GAAGAACAAG	6660
	AGGCTACATT	TGGTCGGAAA	CGACATAGTG	GTGCACCGTT	AACAGGTGGG	AAAGAGTTTG	6720
35	ATGAAATTGA	CTTAAAAGCG	AAAGATAGTC	ATGGCGAGTA	TATTATTGAT	AAAGATGCCC	6780
	ATACGAGGCT	AGCGAAAGAA	GCAAAATACGT	CAATTTTACG	TAGAGCCTTT	AATTATGTGG	6840
40	ATGGTACGGA	TGACCGCACA	GGTAACTTCG	AAACAGGCTT	ACTTTTTTATT	GCTTTTCAAA	6900
	AAGCGACAAA	ACAATTTATC	GATATACAAA	ATAATTTAGG	TAGTAATGAT	AAATTAAATG	6960
	AATATATTAC	ACATAGAGGT	TCTGCTTCAT	TTTTAGTATT	ACCAGGTGTT	AGTAAGGGAG	7020
45	GATACCTTGG	TGAAACATTA	TTTGACTAAA	TTTGTAGCAA	TGCTAATAAC	TGCTGCTATG	7080
	GTGTGTAGCT	TTGGGTACT	GAAAAGTCAG	GCAGCAGAAC	AACAAAGTAT	TAGTGATGTA	7140
	TATAGTGTGA	TAACGGATGC	GAAATCTGCA	CTTTCTAATA	ATTCGATATC	GAATGACAAT	7200
50	AAGCAGAAAG	CAATTGAGCA	AGTGGTAAGT	GCAGTTAAGA	AATTATCGCT	TGAAGATAAT	7260
	AGTGAAAGTA	ATGCTGTCAA	ATCAGATGTG	AGAAAGCTTG	AAGATGCAAA	AGCGAATGAT	7320

55

	GCTAGTAAAG	ATGCGGGTTC	TAAAATTAAA	CTATTGCAAC	AGCAAGTCGA	TGCTAAAGAT	7440
	GCTGCGATGA	CAAAGCGAT	TAAAGATAAA	AATAAGCGG	AATTAGAATC	TTGAACAAT	7500
5	AGTTTGAATC	AGATTGGAC	AAGTAATGAA	ACAGTGATTC	GCAATTATGA	CGCAAATCAA	7560
	TATGGACAAA	TTGAAGTCGC	ATTATTACAA	CTTAGAATTG	CAATTCATAA	GTCACCATTA	7620
	GATACGGCAA	AAGTGTCA	TGCTTGGACA	ACTTTTAAAT	CAAATATTGA	TCATGTGCGAT	7680
10	AAAAAAGTA	ATACGTCTGC	AAATGATCAA	TACCATGTAT	CACAATTAAA	TGATGCGTTA	7740
	GAGAAGGCCA	TTAAAGCTAT	CGACGACAAT	CAATTGTCGG	ATGCTGcaTg	TGCGCTTACA	7800
	CATTTTATAG	AAACTTGGCC	GATGTTGAA	GGTCAAATTC	AAACTAAAGA	CGGTGCTTTG	7860
15	TATACGAAAA	TTGAAGATAA	AATACCATAT	TATCAAAGTG	TATTAGACGA	ACATAATAAA	7920
	GCACATGTGA	AAGATGGTTT	AGTAGATTTA	AATAACCAA	TTAAAGAGGT	TGTTGGCCAT	7980
20	AGTTATAGCT	TCGTCGATGT	GATGATTATC	TTTTTACGTG	AAGGGCTAGA	AGTGTGTGTA	8040
	ATTGTAATGA	CATTGACTAC	CATGACGCGT	AATGTAAAAG	ATAAGAAAGG	GACTGCAAGT	8100
	GTGATTGGTG	GTGCAATTGC	CGGACTTGTA	CTGAGTATTA	TCTTAGCAAT	TACGTTTGTA	8160
25	GAAACTTTAG	GGAATAGTGG	CATTCTTCGT	GAAAGTATGG	AAGCGGGATT	AGGTATCGTT	8220
	GCGGTCATAT	TAATGTTTAT	CGTTGGTGTT	TGGATGCACA	AACGTTCAAA	TGCAAAACGT	8280
	TGGAATGACA	TGATTAAAAA	TATGTATGCT	AATGCGATTA	GTAATGGTAA	TTTGGTATTG	8340
30	TTAGCGACGA	TTGGTTTAAT	ATCTGTGTTG	CGTGAAGGTG	TCGAGGTTAT	CATTTTCTAT	8400
	ATGGGGATGA	TAGGTGAGCT	AGCGACCAA	GATTTTATTA	TTGGTATTGC	TTTAGCTATC	8460
	GTTATTTTAA	TCATCTTTCG	ATTATTATTT	AGATTATAG	TTAAATTAAT	ACCTATTTTC	8520
35	TATATATTTA	GAGTGTGTC	GATCTTTATT	TTTATTATGG	GATTCAAAAT	GCTTGGCGTA	8580
	AGTATTCAAA	AGTTACAATT	ATTAGGTGCG	ATGCCAAGAC	ATGTTATTGA	AGGATTCCCA	8640
	ACGATTAACT	GGTTGGGCTT	TTATCCAAGT	TATGAACCAT	TGATAGCACA	AGGTGCTTAT	8700
40	ATTATGGTAG	TTGCTATCTT	AATCTTTAAA	TTTAAAAAAT	AAAAAACAGG	CCGAGTGCCT	8760
	GTTTTTTTTG	TTGCTATATT	GGAAATATTC	GGTATTGCAG	TATAACGATA	ATCACAGCAT	8820
45	TGATTCGTAT	AAGGTTAATG	TGTTGGCGGT	TGCCTCGGC	ATGTGAACTT	AACGATGAAC	8880
	ATACTGAACT	CAAAGAGCAA	TATGAGTGGC	AATGTGAGTA	ATATATTTAA	TGTTAAATCG	8940
	GGTGGTGCAA	TGATACTTGC	TAATACAAAG	CAAGCGAAAT	AAATATATTT	ACGTAAATGT	9000
50	TTCAATGATG	TGGTATCTAT	AAGACCGAAT	TTTGCAAGAC	CCATAAATAA	TATTGGTAAT	9060
	TGAAATAGAA	GACCAAATGT	GAATAACCAA	CGTATGAGTT	CAATCAAATA	TGCTTTAAAG	9120

55

GGAAAGCCAA CATAAAATGC AAAAGCGACG CCAGCACAGA ATAATAACAC GCTGAAAAAA 9240  
 CTATATTTAT AAATAAATTG ACGTTCATTA TTATGTAATC CAGGTGCAAT GAATGCCCAC 9300  
 5 AATTGATAAA 9310

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 317:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3458 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 317:

ATTAGTATTA CACACTAATG TAAATAGATT GGTGAGAGAA GAGATATTTG CTAATAAGTG 60  
 CCTTGCTAAT AATGATGTTT AAATTATGAA TTCAATAAAA AAATTAATTTG AAGCTGAGTT 120  
 20 ATTAACAACG ACTAATGATT TTGAAGTTAG TATATATAAA AAGACAAGAC CTGAATTACA 180  
 AAGTATTTTA AAAAGTTTTG GTATAAAAAC AACAGGTAAT AAACCTGACT TAATTAAACG 240  
 TATTGACGAC AATTTTCATA TTATTAATAA CTTAGATTTA CCATATGTAT ATATACCAAT 300  
 25 TAAGAAAGGA GAAGAAATTT TAAAGAAAAC AGAGTACTTA ACCTCTTTTA TACAAAGTTA 360  
 TGGTGAAATT TCTCTTGAGC GTGCTTATTA TTTGGTTGAA AACTATATAG ATGAAAATTG 420  
 CGATGATAAA GTTGACAGAAA TATACAAGTT TGAATTTCAA AGAAAATATG ACAATGGCGA 480  
 GTTTGATTTT AATCATGGAT ATAATTTCGA ATTGAATATG TTGATAGATC ACTATAAAAG 540  
 AGATGTAAA GACTACGATA ATGCCAGAAA GTATTCAAAT ATTTATCTTT ACTTTGGTTT 600  
 35 GAGAGATTTT TTAATAAAAT TAATGAGTAA TTATTCATAT TACGATAGTA AAGGGAATAT 660  
 AGATTTGAAC GAAATACAAA ACGATCTGAA TAGATTTATC AACTCTAGCG CTTCTGGTAT 720  
 GTACGAGCGA TTAATATATA ATGAAAATTT ATCCAATAAT ATTATGTTTG AATTATTTAA 780  
 40 AAAGGACACA CAAGATTATA GTGATTTGGA AGAACAATTG ATTGAAAAGT TCATAAACTA 840  
 TGTAGTGTCT AATGTAAAAA AAGAAAGTAG GAGTAATACT CTTATAGAGT TATCAAAAAT 900  
 TTTAGAGAAC GGATATACAA TTGATAAAGA AGAATTTAAA AAAGAAGATG ATTATCTTTC 960  
 45 TAAGTACATA TTTACTGACA TAGATTATTT GAAAAAGTTA GAATCAAAAA TAAACGTTGC 1020  
 TATTGATATT CGAAGTGGAG AAATTCATTT GGTATTAGAT GATGATAGCC TTGATATATT 1080  
 AATACAAAAT CAAAAATACG GCAATGAGTT TTGAGTCATA ACTAAATATA ATATGTTGAA 1140  
 50 GAGAGGTTTT ATTTAAATGG CTAAAATTGG TTATGATCGT GTATCAACGA AAGATTAATA 1200

	AACGTACAGA GCTTGTTAAG TGTTTAGATT ATTTACGAGA GAGCGACACA TTAGTTGTCT	1320
	ATCAACTTGA TCGGTTAGGT AGAACGACAA AACTATTaAT TGAATTaTCA CAATGATTCTG	1380
5	ATGATAACGG AATTGACTTA CAAATTAGTA ACATGAACAT TTCAACGAAA GACACAATGG	1440
	GCAAAATGTT TTTTACGATG ATGAGTGCAT TTTTCaGGAT TAGAAGTTAA TTTACTATGT	1500
10	GAGTGTATAA AATAGACTTA GCAGCAACAA GAGCGAGAGG CCGAAAAAGC GGGCGCCCCT	1560
	CTTTACCAGA GAATAAAAAA TGAGAAATTA AATTTTTATA TGATGAACAA ACGATAACAG	1620
	GGGAAGAAAT AGCTAGTTAG ACAAGGGTAT GTCACTCAAC TGTTTATCGA GTTGATTAAG	1680
15	AAATGAAAAA ACTTATACTA TGAATTACTG TTTAAAAGTG TGCATGTTAT AATATTTATT	1740
	GAGCAAGTTG GATAGATGGT GGCTAATCTC TTAATAAAGG GGTGATGCCT ATGGTTATAG	1800
	TTGTTACTCC TAGnAAAGGA CTAGCATGTC TGATTTTGAA ATGCTTATGG TTGTATTAAC	1860
20	AATCATTTGGT TTAGTATTGA TTAGTACTCA AGACCATAAA AAATAaCCTT CTATTCGCTT	1920
	TGACCGGCAT TTTTGAAGGC TATTTTTTAA TAAAATATAA GGTCACCGTC TTTTAAACGG	1980
	GCTCATTAGG GTAACATGTT TCCGAGTGTT GCCCTTTTTG TGTTTCAAGA GTTAATGATT	2040
25	TTCATCTTTT GCTTCTACTT GCTACAAATA TATTTTAACA CATTTTCTT ATGAATTGTA	2100
	GTTCTGAACA TAATCAGAAT TAATAAAACC AACTTTCCAT ACAGCAGAAA ATACAATTAA	2160
	AAGTATAGAA TGTAATCACG AATTATATAA AAAGTATTGG AGACCTCTTC ATATATAGAT	2220
30	AATTCACTTA GTTATTTTAG AAAGAAGCCC CTAaCAACTA AAGTTGAAAA ATAGAGGAAC	2280
	ACAGTTgGAT TACGCATCAA CTGCATaAGg CCCCTAAmAA CTAAAGTTGT AAGGGGCyCT	2340
	AAAATTTATT TTGGTTGATT GTCTTCTGGT TTATCTGAAG TCATTGTTTT TGTTGTATTA	2400
35	TCATTTAATG AATCTTGTGC TTTTCTGTGTT TTTGTTTCAA CAGATGTTGT CACTTTATCA	2460
	TTTTCTACTT TTGTATTTTT TGGTTCAGTG ACAACTTTTT TATTCTTGTC AGCTGTTTTT	2520
40	ACTTTATCTT TAGTAATTTT TTGACCACGT TTTAAGTAAT ATTGAACGAT ACCCATTAAA	2580
	ATGATTGCAT GAATAACAAC GAATAAAATA ATTGTCATTA CTGTATAAAC TCTTATGATA	2640
	TTTTCTGCAA CACTTTGAGA GAGTGATTGC GTATTAAATG AAATCAAGTA ACCAACAGGT	2700
45	GTTTTAAATA AAATAATAAT TAAGTTTAAT AATAGTATTC CAATGAAAAA TTTGAAAAAT	2760
	GTTTTTTGAC CATTTTTTCAT TGCTTTAAAT CCATTAGCTA AGTGTGTTTT TACTTTATCG	2820
	TTAGTTGATT CaACGAAACT AGTCaTAAAG TTGAAAATAG GTATTAAcAA TAACCAAGTA	2880
50	ATAATTGCTT TAATCAATAA AACAACAATG ATTATGATGC TTTGAGTTGT AATAGCAATA	2940
	CCAATCAGGT GTGTACTATC TGCATATGAT GATTGTACTG AATTCATAAT CATTTCTGAT	3000

55



ATAGATACAA GACCGATCAG AACGCTCTTT AAATAATTAC CTTTTTTAAA TGCAATAAAT 3120  
 AAATCGGTAA ATTTTACTTT TTCATGACTC ATTGCTCGTT TCATAACATT TGTAATCCG 3180  
 5 ATAAAAATTT GAACTAAAAC AAACAGTGAA ACTACAGCTG CTATAAGTAA TACAGCGATA 3240  
 ACTTTTAAAT ATGCATCTAC TGGTGGTTTT TGCCCAAATT GTGAATAAAT TGCAATAGTT 3300  
 TGTGCATACT TAGCAAGCTG GAAATTAGCA AGTAAATATA CAACTGCAAT TACAGCAAAT 3360  
 10 GCTATAAGTG CATATATCAA TGTTATTAAT AATTGTGGTT TAGCATTITT AAATGCTGAT 3420  
 TTAAGTAAG TAAACAAAGT GGTGCCTCCT TTTCTTCA 3458

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 318:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 695 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 318:

25 GCTTGCAAGA TGCTTTCATT AAAGACAAAG TCATCGATAT TATGAATATG TTCCAAAATC 60  
 ACACTGATAT CACTTATACG TTGAATAAGT CTCATGCACA TATTATATGT ACGCCAGAA 120  
 TATTTGCTAA ATTGTTACAT ACGATTGCAA CTAGAAATAT CGACATTCTA TCTGCCAATT 180  
 30 ATAGATCGTC ATCTATGAGC AAAGCTCGTA TATCATAATA AAAGACACAT CTATACGATG 240  
 ATCATTTACA ATGATTGCGT ATAGTGATGT GTCTTTTTTT GTATTATTTA TCTTCGGACG 300  
 ATTGATCCTC AACCATTGTG TCAAATGCTT CACGAACCTG TGGTACTGTC ATACCTACTA 360  
 35 CAACTTGGAT ACTCTTACCA CTCTTTACTA ATCCGTGTGC CATTGTGTTA TGCGTGAAAT 420  
 ATTCCGTATC TGCAACTTTA CTTTCATCAT AAACAGTTAA GCGTAATCTT GTTGACAGT 480  
 TAGTAACATC TTGATATTT TCTTTGCCGC CTAAACCGTC GAGGTAATAT GCAGCTTTGT 540  
 40 CTTGCTATTC ATTACCAGAT GAAGCACGTT TAGAATCTAC GCTATCACCT TTTTATTTT 600  
 TGTAATCTTG CTTAGAAAAT AATTTAACTT CCTCTTCTGT TTYCTTACGT CCAGGTAATG 660  
 45 GAATATCAAA TTYCAAAATT AAGAATCTGA ATAAG 695

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 319:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 875 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 319:

AATATTGaTa TTATATATAG TCGAATCaAT GATGACCCaC ATCGACCCaA TGCAAATAAT 60  
 AAGACAATCA AGCAGTTAAA TGACTTGTAT TGCTCGCGGA ATTTAAGATA TAATGAAATC 120  
 GCATTCAAGA AATTGATAG TCATTTGCTA TCAATTCAG AAATATATTA TGAATTGCTA 180  
 AATTTAATAA AAGCGAGTGA TCAGTATTAG AGAGAATAGA GCGTTAAGAC TCTATCGCCG 240  
 AAGTGCAAGT AATTATTAC GAAACTCTCA GGcAAAAGGr TAATACTGTA ACGCGTTCCT 300  
 GAATTGGTGA TTTATAACA GGGTAGCGAT TGCTATCCTG TTTTATAAT TTTAAGGGGG 360  
 TATTTCAATG TCAAGTGATT TAAACAAAC ACCTTTATAT CAAAATTATG TTGATAGAGG 420  
 TGCAAAATT GTGGAATTCG GAGGATGGGC GATGCCTGTT CAATTTTCAA GTATTAAAGA 480  
 GGAGCATAAT GCTGTTTCGAT ACGAAATTGG CCTGTTTGAT GTTAGTCATA TGGGTGAAAT 540  
 TGAAGTAACA GGTAAAGATG CTAGTCAGTT TGTGCAATAT TTATTATCAA ATGATACTGA 600  
 TAATTTAACT ACTTCAAAG CATTATATAC TGCTTTATGT AATGAAGAAG GCGGTATTAT 660  
 TGATGATTTA GTAATATATA AATTAGCTGA CGACAATTAT TTATTAGTTG TTAATGCTGC 720  
 TAATACTGAA AAAGATTTTA ATTGGATTTT AAAACACAAA GAGAAATTTG ATGTTGAAGT 780  
 ACAAATGTA TCAAACCAAT ATGGTCAATT AGCAATACAA GGACCAAAAG CtAGAGATTT 840  
 AATTAATCAA TTAGTTGATG AAGAkGTAAC TGAAG 875

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 320:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5897 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 320:

TCTTTTACG AAGGCTACCG TTTAGGATCT GATAACTTAA CTGTAGGAGA AATTGTATTT 60  
 AATACAGCGA TGACAGGTTA TCAAGAACT ATTTCAGATC CATCATATAC AGGTCAGATC 120  
 ATTACTTTTA CGTATCCATT AATCGGTAAT TATGGTATCA ATAGAGACGA TTTTGAATCA 180  
 TTAGTACCTA CATTAAACGG TATTGTAGTG AAAGAAGCGA GTGCGCATCC AAGTAATTTT 240  
 AGACAGCAAA AGACACTTCA TGACGTTTGA GAATTGCATC AAATTCCAGG GATTGCAGGT 300  
 GTTGATACAA GAAGTATTAC GCGTAAAATT CGACAACACG GTGTGTTAAA AGCTGGTTTT 360  
 ACTGATCGAA AAGAAGATAT TGATCAACTT GTCAAACATT TACAACAAGT AGAATTACCT 420

	AGTGTCGTAC TTGTAGACTT TGGTAAGAAG CAAAATATTG TTCGAGAATT AAACGTCAGA	540
	GGTTGTAACG TCACAGTTGT ACCATATACA ACTACTGCCG AAGAAATTTT AGCAATGGCT	600
5	CCAGATGGCG TTATGCTATC AAACGGACCA GGTAATCCTG AAGTTGTAGA ATGTGCGATT	660
	CCAATGATT C AAGGAATTTT AGGGAAAATT CCGTTCCTTG GTATCTGTCT AGGACATCAA	720
10	CTTTTGCAT TATCTCAAGG AGCAAGCTCA TTTAAATGA AGTTTGGTCA TCGTGGTGCG	780
	AAACCATCCAG TTA AAAATTT AGAGACTGGA AAAGTTGATA TTACGAGTCA AAACCATGGA	840
	TATGCAATAG ATATAGATT C GTTAAAAAGT ACTGATTTAG AAGTTACTCA TCTTGCAATTA	900
15	AATGATGGTA CTGTAGAAGG TTTAAACAT AAAACATTAC CAGCATTTTC TGTTC AATAC	960
	CATCCTGAAG CAAATCCAGG ACCGTCAGAT TCAAACATC TATTTGATGA TTTTGTAGCA	1020
	ATGATGACTA ATTTTAAGGA AAAGGAGCGT CATATCAATG CCTAAACGTA ATGATATCAA	1080
20	AACAATTTTA GTAATAGGGT CTGGGCCAAT TATCATAGGT CAAGCAGCTG AATTTGATTA	1140
	TGCTGGAACA CAAGCATGTC TAGCTTTAAA AGAAGAGGGA TATCGAGTTA TTCTTGTA AA	1200
	TTCAAATCCA GCGACAATCA TGA CTGATAA GGAAATTGCG GATAAAGTAT ATATCGAACC	1260
25	GTTAACTCAT GATTTTATAG CGCGAATTAT ACGTAAAGAG CAACCTGACG CTTTACTTCC	1320
	AACTTTAGGT GGTCAAACAG GTTTAAACAT GGCGATTCAA CTACACGAAA GTGGTGTGCT	1380
	TCAAGATAAT AACGTCCAAT TATTAGGAAC TGAGCTAACA TCAATTCAAC AAGCAGAAGA	1440
30	CCGTGAAATG TTTAGAACAT TAATGAATGA TTTAAACGTT CCTGTACCAG AGAGTGACAT	1500
	TGTAATACATA GTAGAGCAAG CCTTTAAATT CAAAGAGCAA GTGGGATACC CGCTAATTGT	1560
35	TAGACCGGCA TTTACGATGG GTGGTACCGG AGGCGGTATT TGTCATAATG ATGAAGAATT	1620
	ACATGAAATC GTCTCAAATG GTCTTCATTA TAGTCCAGCA ACGCAATGTT TATTAGAAAA	1680
	ATCTATCGCA GGTTTTAAAG AAATCGAATA CGAGTAATgC GTGaTAAAAA CGATAATGCC	1740
40	ATCGTTGTAT GTAACATGGA AAATATTGAT CCAGTTGGTA TTCATACAGG CGATTCAATT	1800
	GTTGTGGCTC CTAGTCAAAC ATTATCAGAT GTTGAGTATC AAATGTTACG TGATGTTTCA	1860
	TTAAAAGTTA TTCGAGCTTT AGGTATCGAA GGTGGTTGTA ATGTTCAATT AGCATTAGAT	1920
45	CCCCATTCAT TCGATTATTA TATTATAGAA GTAAATCCGC GTGTATCACG TTCATCAGCG	1980
	TTAgCTTCAA AAGCAACAGG ATATCCTATT GCAAAATTAG CTGCTAAAAT CGCGGTTGGT	2040
	CTAACATTAG ATGAAATGTT AAATCCAATT ACAGGAACAT CTTATGCAGC GTTTGAACCA	2100
50	ACTTTAGACT ATGTGATTTT AAAAATACCA AGATTTCTTT TTGATAAATT TGAAAAAGGA	2160
	GAACGAGAGC TTGGCACACA AATGAAAGCA ACAGGTGAAG TTATGGCCAT TGGTCGAAC T	2220

55

## EP 0 786 519 A2

	TTACCAAATG GTGAAAGCTT CGATCTTGAT TATATTAAAG AACGTATTTT ACACCAAGAT	2340
	GATGAACGAT TATTTTTCAT CGGCGAACAA TTAGAAGAGG CACAACATTA GAAGAAATTC	2400
5	ATAATATGAC TCAGATTGAT TACTTCTTCT TACACAAGTT CCAAACATT ATTGATATTG	2460
	AGCATCAATT AAAAGAGCAT CAAGGTGATT TAGAATATCT TAAATATGCA AAAGATTATG	2520
	GATTTAGTGA TAAACAATA GCGCATCGCT TTAATATGAC GGAAGAAGAA GTATATCAAT	2580
10	TGCGTATGGA AAATGATATT AAACCTGTTT ACAAGATGGT TGATACTTGC GCAGCTGAAT	2640
	TTGAATCTTC AACACCATAT TATTATGGTA CATACGAAAC TGAAAATGAA TCCATAGTTA	2700
	CTGACAAAGA AAAAATCTTA GTATTAGGCT CTGGACCAAT TCGAATCGGC CAAGGTGTAG	2760
15	AATTTGACTA TCGGACAGTT CACGCCGTTT GGGCAATTCA AAAAGCAGGG TACGAAGCGA	2820
	TAATTGTGAA TAACAATCCA GAAACAGTTT CAACAGACTT CTCAATTTCT GACAAATTAT	2880
20	ACTTTGAACC TTAACTGAA GAAGATGTGA TGAATATCAT TAATTTAGAA AAACCTAAAG	2940
	GTGTCGTTGT ACAATTTGGA GGACAAACAG CGATTAAATT AGCAGACAAA TTGGCTAAAC	3000
	ATGGTGTTAA AATACTTGGT ACTTCACTAG AAAATCTAAA TCGTGTGTA GATAGAAAAG	3060
25	AATTTGAAGC ACTATTAAGA AAAATTAACG TGCCACAGCC ACAAGGGAAA ACAGCTACAT	3120
	CACCTGAGGA AGCATTAGCG AATGCTGCAG AAATCGGATA TCCGGTTGTA GTAAGACCTT	3180
	CTTATGTATT AGGTGGTGGC GCAATGGAAA TTGTAGACAA TGACAAAGAG TTAGAAAAC	3240
30	ATATGACCCA GGCTGTAAAA GCGAGTCCGG AACATCCGGT ACTAGTCGAT AGATATTTAA	3300
	CTGGTAAAGA AATTGAAGTT GATGCGATTT GTGATGGAGA AACGGTCATT ATTCCAGGAA	3360
	TCATGGAACA TATTGAACGT GCTGGTGTGC ATAGTGGTGA CTCAATCGCT GTATATCCAC	3420
35	CACAACTTTT GACAGAAGAC GAGTTAGCAA CACTTGAGGA CTATACTATA AAATTAGCTA	3480
	AAGGTTTAAA CATCATTGGC TTAATCAACA TTCAATTCGT TATAGCTCAC GATGGTGTGT	3540
40	ATGTTTTAGA AGTAAATCCA CGTTCTAGTA GAACGGTACC ATTCTTAAGT AAAATTACTG	3600
	ATATTCCAAT GGCACAATTA GCTATGCGAG CAATCATTGG GGAAAACTA ACAGATATGG	3660
	GTTATCAAGA AGGGGTTCAA CCATATGCTG AGGGTGTCTT TGTGAAAGCA CCAGTATTTA	3720
45	GTTTTAATAA ATTGAAAAAT GTTGATATTA CTTTAGGACC TGAAATGAAG TCAACAGGTG	3780
	AAGTGATGGG GAAAGATACT ACATTAGAAA AGGCGTTATT CAAAGGGTTA ACAGGTAGTG	3840
	GCGTTGAAGT TAAAGATCAC GGTACAGTAT TAATGACCGT CAGTGACAAA GATAAAGAGG	3900
50	AAGTTGTAA ATTGGCACAA CGCTTAAATG AAGTTGGCTA TAAATTTTA GCAACGTCTG	3960
	GAACAGCTAA TAAATTAGCT GAGTATGACA TACCTGCAGA AGTAGTAGGC AAAATTGGTG	4020

55

	TGACTAAAGG	TAAAGAAGTA	GAAAGGGATG	GCTTCCAAAT	TAGACGTACT	ACAGTTGAAA	4140
	ATGGTATTCC	ATGTTTGACA	TCTTTAGATA	CAGCTAATGC	CTTAACGAAT	GTAATTGAAA	4200
5	GTATGACATT	TACAATGCGT	CAAATGTAAA	TCAATCAAAC	TGTATCGGTG	GGGCTGTAAT	4260
	TAACCATTTA	CTTAAAGAAG	TTTATATTAC	AGCCTCATT	TTTAAATGAA	TTTCTTAATA	4320
	TAAAGGGAGA	CaTATATGAT	GAAAGATTTA	CCAATTATTG	CATTAGATTT	TGAATCAAAA	4380
10	GAAAAAGTAA	ATCAATTTTT	AGATTTATTT	GATGAATCAT	TATTCGTAAA	AGTAGGTATG	4440
	GAACTTTTTT	ATCAAGAAGG	TCCTCAATTA	ATTAATGAGA	TAAAAGAAAG	AGGCCATGAT	4500
15	GTATTTTTAG	ATTTAAAACT	GCATGATATT	CCTAATACAG	TTGGTAAGGC	GATGGAAGGA	4560
	CTAGCTAAAT	TGAATGTTGA	TCTGGTAAAT	GTTCATGCTG	CTGGTGGCGT	AAAAATGATG	4620
	TCTGAGGCCA	TTAAAGGATT	AAGAAAACAT	AATCAAGATA	CAAAAATTAT	TGCAGTAACA	4680
20	CAGCTTACGT	CAACAACAGA	AGACATGTTA	CGACACGAAC	AAAATATACA	AACATCGATT	4740
	GAAGAGGCCG	TTTTAAATTA	TGCCAAGTTA	GCAAAATGCAG	CTGGTTTAGA	TGGCGTTGTT	4800
	TGTTACCTC	TTGAAAGTCG	TATGTTGACT	GAAAAGTTAG	GTACATCATT	TTTAAAAGTA	4860
25	ACACCAGGTA	TTAGACCTAA	AGGTGCATCT	CAAAATGACC	AACACCGTAT	TACGACACCG	4920
	GAAGAAGCAA	GACAGCTTGG	TTCGACGCAT	ATTGTAGTCG	GTAGACCGAT	TACACAAAGT	4980
	GACAATCCAG	TCGAAAGTTA	TCATAAAATT	AAAGAAAGTT	GGTTAGTATA	ATGGCTAAAG	5040
30	AAATTGCAAA	ATCATTATTA	GATATTGAAG	CTGTAACATT	ATCACCAAAT	GATTTATATA	5100
	CATGGAGTTC	AGGTATTAAA	TCACCGATTT	ACTGTGATAA	CCGTGTTACG	TTAGGTTATC	5160
	CTTTAGTTCG	AGGCGCAATC	CGCGATGGTT	TAATTAACTT	AATTAAAGAA	CACTTTCCTG	5220
35	AAGTAGAAGT	TATTTCTGGT	ACTGCAACAG	CTGnTATTCC	ACATGCAGCT	TTTATTGCTG	5280
	AAAAATTAAA	ATTACCAATG	AATTATGTTT	GTTTCATCAA	TAAGAGTCAT	GGTAAGCAAA	5340
40	ATCAAATCGA	AGGTGCTAAA	AGTGAAGGTA	AAAAAGTAGT	TGTGATAGAA	GATTTAATTT	5400
	CGACAGGGGG	ATCTTCAGTC	ACAGCAGTTG	AAGCCTTAAA	ACTAGCAGGT	GCAGAAGTAT	5460
	TAGGTGTTGT	AGCTATCTTT	ACTTACGGTT	TGAAAAAAGC	AGATGATACA	TTTAGCAATA	5520
45	TTCAACTACC	TTTTTACACT	TTAAGTGATT	ACAATGAATT	AATTGAAGTA	GCTGAmAmTG	5580
	AAGGTAAAAT	TTCTAGTGAA	GATATCCAAA	CATTAGTTGA	ATGGAGAGAC	AACTTAGCAT	5640
	AATATAGACA	CTAGAAGGAG	GAATTCAACA	AATGAATGAC	AAAACATCTA	ATGATTTATA	5700
50	TGGGAAGATA	AAACATTGTA	ACGAATTTAT	CAATCATTCA	AATGATTCCA	ATCTATCTAG	5760
	TAGTCACGAT	GTCGACGAAA	GTTCAACGAA	GCAAAAACAT	ATAAAAAATA	AAACAACATAT	5820

55

TTAAAAACAA AAAAGCT

5897

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 321:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 7965 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 321:

15	TCATTCTAAA TCAACTTATT TTCCATTGCA TAAATTGCTG CTTGTGTACG ATCGCTAACT	60
	TGTAATTTAC TAAATATATG ACTGACATGT GTTTAAATTG TTTTTCAGA TACAAATAAA	120
	GTTTCTGCAA TCTCTTTATT TGTTTTACCT TTAACCATT T CACGTAACAC TTCAATTTCT	180
20	CTCTTTGACA ACTTATTCGT GTAGTGTGGT TTTTGGCTAA CTGTTTCGAA TACATCTTGT	240
	GCCTTAGGAT GTATCATTTT TTCACCGTTC ATAACGTC TAATAGTTTC AATTAATTGC	300
	TGAGGCTCAA CGTCTTTCAT TTCATAACCA TCAGCACCTT TATTGATTGC TGAAATTACA	360
25	TGTTTCATCAT CAACATAACT TGTTAATACC AAACTTTAA TATCCGGATA ATGTGCCTTA	420
	ATATATTCCG TAATTTCAAT ACCATTCATG CCAGGCATCA CTAAATCTAA TAGCACAATA	480
	TCAGGGTGCT CATGCTCTTT TAAATATTCT AAAAATGTTT CTCCATCTGC AAAGTCTTGT	540
30	AAAACTTCTA TGTTTTCAaT CGTGGaTAAT AAAAATCGCA ATCCTTGtCG CACAATATAA	600
	kGGwCATCTA CTAATATnAC TTTGTTTCATG GGTTATCTCC TTAAAtCAAG CTATTTTATA	660
	GGAATTGTGA ATTGTATTTG TGTACCCTTT GTTGGCTGAG AATGAAAGGT CACTTTACCT	720
35	CTTAATAATT TAACTCTTTG TTTTATGTTA TTAATACCGT GTGATGAAGC TATCTGAACA	780
	TTATCGATCT CAAATCCTTG ACCATAATCA ATCAGCTCAA TATATAGTAT ATCGTTCATT	840
40	TGTTTAAATG TAAGATCCAT TTTATTCGTA TCAGCATGTT TCTTAACATT ATTAATACAC	900
	TCTTGTAAATG CTCTGTATAT GTTTCTTCG ATTTTCATTAG ATAAATCGAT TAAACCTTCT	960
	ACATTTACAT TTAATTGTAT ATGCATTAAT TTAATATATG CTGTCAAAGC ATGAATTAAA	1020
45	CCTTGCTCAA GTCCAACCTGG CTTAAGTnGC CAAATCAATG CACGCATTTC ATTAACGGCA	1080
	TTTTGACTCG TTtCCTCAAT CGTCTTGAAT GCTTGTTTAG CGATGGATT C GTTTGACATG	1140
	CCATACGCAG CATGTGctGT TAGTTTTACA GAAAATAACA TTTGATTTAC TGAATCATGT	1200
50	AAATCTCTAG CTAAACGATT ACGTTCATTA ATTTTTGCCG CTTCTTTTT C ACGGTCTGTT	1260
	AAATAAATAC GTTTGATGGC TGACCCTAAT TGAAATGCCA CAGACTCTAG CAACTCTAAA	1320

## EP 0 786 519 A2

	TGACCCGATT TAAGTGGTAC CGTTGCATGA TGTGTAATAT TGTCAATTTG GCTAGGAAAT	1440
	GCTTTAGAGG CTAAGTTAAT ACGAGAACAA TTGACGATAT TCGACGCTTT CATTAGCCTA	1500
5	CGTTGATTAA ATGCTTTTAC ACACCAACAA GACCCATCTT TAATATAGTG ACAGTGGTCT	1560
	GCTGTCAAAG ATTGTGGTAG AGCCACATGT GATACAAGTT CATGTTTACC TACGCTATTG	1620
	ATGAAAAATA TCCAGCCTGT CGTGAAATTA CTGCCCTCAA TTAAATATTT TAACGCACCT	1680
10	TGGGTCATGC TATACATTTC TGTCTCTTCG TTTAAAAATT CGGCAATCTC TTTTAATAAA	1740
	GCTAGTCGCG TCCTTTGTTC CATCAAATCG CTCCAATTCA TTTTACGTG TATTAATAT	1800
	TATACATTGA GTTATTATAT TTTTAAATCT TAGACGTAAA CATGATAAAA TGGCCTTGAT	1860
15	TACTCAATAG TTATATTTTC GAGAACTGAT TTGTGATATG ATATTAAAGA CTATAGGAGG	1920
	ATTTTATGAA ATTTAAAAATA CCAGAAAAC TTAATGACTT AAGTTTACGA GATATTTTCC	1980
	AACAACITAA GGTACCTAAA AAAGATTTAC ATCATTTAAA TATGTCTAAA GATATTACTA	2040
20	TTAATGATAA ACCTGCGCGA TTAATGGATA AAGTGCATAC TGGCGACGAT GTATTGTTC	2100
	CAACCATCGA TGAAAAAAGT AATTATGTTT CAAGTTATCG TTATGCACAA ATTAAATACG	2160
25	AAGACGATGA TATGGCAATC GTAATGAAAC CTAAAGGTGT TAAGACTCAC CCTAATGATT	2220
	TAAAAGAAAG CAATACTTTA ATGAATCATG TGATTTACAC TATTGATAGT GACTATGTCG	2280
	AACCAATTCA TCGACTGGAC CAGGAAACAG TAGGATTATT AATTGTTGCT AAAAACTCTT	2340
30	TAATGAAAAA AATTCTTGAT CGCATGTTAG AAGACAATGA TATTACGCGG ATATACAAAG	2400
	CAAATGTTAA GGCACTTTTC CCTTTAAAC CACAAACGAT TGATATGCCA ATTGGTAAAG	2460
	ATAAATTCCA TTCGAATAAA CGACGTGTGT CTCCTACTGG ACAGCGTGCA ATTACACACA	2520
35	TTTTAACTTC AAAAATGATA AAAGAAGCTG TGTGCCmACT TGAAATCAAG TTGGATACTG	2580
	GACGTACTCA TCAAATWCGT GTGCATTTAG CTGAAATTGG TCACCCTGTT ATTGGTGATC	2640
	CTTTATATGG TGATTCAACG TTAAGACAAT TAGAACTTGA AAGTTACAAA ATAGAGTTTG	2700
40	TGcATCCCTT GACTAAGGAA GTCATTTCCG TTTCTTTGGA TGACTAATTT GATTAGTTTT	2760
	GCATGATATT tAAACATGCA ATACCGCATT GTAACATAAT CAAGTATCAA CtTAAACGGA	2820
45	TAGATGGAAA ATTATTAATT TTTTCAGATG TTCGGTTTTT TTGTTTTTTA CGATGCTTAG	2880
	GATTTTATAT TTTGATATTT TAGTAATTAT TCATTTTATA ACATCCTTGG ATAATGACTT	2940
	GTAGTCTTTT TCAACTGCGT TACGTGTATC TATGGACAAT ACATGACATC ATAAGATTTT	3000
50	TATCACAGGT TGTTTGGCCA ATACATGTAC AACAAATTCAT CATATAAAAA ATAGGTTCTA	3060
	TAATAAAACG GACTCCATGA AAAGTTTTTC CTTTTCATGG CTCTATATCA AATCAGACTT	3120

55

	CCAAACTTTA	TTTTATATTA	ATATTTAATT	AATGAGGATC	TACCATATCT	TCTGGTTTAA	3240
	TCCATGCTTC	AAATTGTTCT	TCTGTAACAT	ATCCAGTTTG	AATTGCAGAT	TCTTTTAAAG	3300
5	TTAAACCTTC	TTTATGGGCT	TTCTTAGCAA	TTTGAGCTGC	TTTTTCATAA	CCAATATGTG	3360
	GATTTAATGC	AGTAACTAAC	ATTAATGATT	GATTTAAATA	ATTATCAATA	TTCTCTTCGA	3420
10	TTGGTTCAAT	GCCCACTGCA	CAATTGTTAT	TAAATGTTTC	CATACCATCA	GCTAAAAGAT	3480
	AAATTGATTG	TAGTGTATTA	TGCATAATAA	CTGGTTTATA	AACATTCAAT	TCAAAGTTAC	3540
	CTTGTGAACT	TGCGAACCAA	CAACTGTATC	ATTACCCATT	ACTTGGACTG	CAACCATTGT	3600
15	TAACATTTCA	CATTGTGTAG	GATTAACTTT	ACCAGGCATA	ATTGATGAAC	CTGGTTCATT	3660
	TTCAGGGATA	GAAATTTCTG	CCAAACCAGC	TCGTGGCCCT	GAAGCCAACC	ATCTCACATC	3720
	ATTAGCAATT	TTCATTAAGT	CTCCTGCTAA	TGCCTTCAAT	GTTCCATGCA	ATTGAACAAC	3780
20	TTCATCATGC	GCTGTAAGTG	CGTGGAATTT	ATTTTCAGAA	GATACAAATG	GATAACCCGT	3840
	ATTTTCTGAA	ATATAATGTG	CCACTTTATC	ACCAAATTCA	GGATGCGCAT	TAATACCAGT	3900
	ACCAACAGCC	GTACCACCGA	TGGCAAGATT	TAAATGTGTC	TTCTTAGATT	CAGATAACAT	3960
25	TGTTTCACAA	CGGTCAAGCA	TATAACGCCA	GCCACTAATC	TCTTGTCCCTA	GTTTGATCGG	4020
	CGTTGCATCT	TGTAATGTG	TACGACCAAT	TTTAATAATT	GAATCAAATT	TATCTTCTkT	4080
	TTCTTTCAAA	GTATTTCTTA	AAAGTTTIAA	TGCAGGTTCT	AATTTTGTTC	CAACCTCTTG	4140
30	ATATAATGCA	ACGTGCATAG	CAGTTGGGaa	TGTATCaTTC	GaACTTTGAG	ATTyATTTAC	4200
	ATCATCATk	GGGTGGATAC	TTTCATCACT	TTGATGATCT	TTTAAATACA	TATTAGCAAC	4260
35	ATAACTTACT	ACTTCGTTCA	CATTCAATTT	ACTTTGTGTA	CCGCTTCCTG	TTTGCCATAC	4320
	AACTAGTGGG	AAGTGTTCAT	CTAATTCACC	TGATAAAATT	TGATCACATG	CGTATACAAT	4380
	GGCATCTTTC	TTTGCCCTCGC	TTAATTTTCC	TAAATCAAAA	TTAGCTATTG	CTGCTGCACG	4440
40	CTTTAGTTGT	GCAAAACCAT	AAACTACTTC	GATTGGCATA	CGCTCTTTAC	CAACTGGGAA	4500
	ATTACGTTTA	CTTCTTTCTG	TTTGAGCACC	CCAATATTTA	TCTGCAGGTA	CTTCTATTTT	4560
	TCCAAAAGTA	TCATGTTCAA	TTCTTACTGA	CATTCAATTT	CTCCCCTTAT	CACTGTTTAT	4620
45	TTAACTGTAG	TATATCATT	AATAATTTAA	TTGAGCAATT	TATGATTAAA	ACGTTTTTCAT	4680
	AATTTGAAAT	AAAAATACAC	TAATCGCAGC	TGTTCAACCCT	TTATTACAGT	GATACGGTCA	4740
	TACGATTAGT	GTGTATCTA	TCATTATTIA	GTTATTATTG	AACTAAGTTT	AATTACGATA	4800
50	CTTTGTTTTA	GTAGCTTCAA	CCGtAGCAAT	AGCTGTAAGT	ATATATAATA	CAGCACTAAC	4860
	AATTGTCGTA	TATGGATTTA	GAGCAACAAG	CGTaCCTAAA	ACTCCTGTTA	AACTCGCATA	4920

55



	TACAATACCT GATTGATTAC TTTTAATGAA TGTTCGCGCA TTAACATCAT CAATTAATCC	5040
	TTTTGATAAA TTGAGTTGTA ATTTTATTAC TTTGAAAATA ACAGGTAAAT ATAATGCCCC	5100
5	AATTGCCAAT GGAAAAGCTT TAATTGATAT TAAACTTATA ATAAGTGTG CTATCAATAA	5160
	TTGAATCCAG TATTTTCCTA ACATAAATAT ATAAATCTCC TCTAATTTCA TTCTTCAATA	5220
	GCATATCATA ATCTTGGCAT ATTAAGAAAC GCGGTTTAAT GATTTTCATTA AAAATATTAC	5280
10	TGATAGATGA CTTCCTTCAA TTATGTCTGG AGTAATTAAT TATCAATTCC GTTTAAATGG	5340
	TGTTTTAATA TTAAAAATTG AACTTTTGAT ATATTACTAT GTCTGGTACA CAAATCAATG	5400
	TTTATGCTT TACAAAGTTA TATTGGCAGT AGTTGACTGC AGTCCACAAC ATAGAGGCTT	5460
15	CGGAATGTCA GCTTCTATTT CATGCAAGTT GGTGGAGCTC CAACATAGTG GAATTGGATT	5520
	CCCAATTTCT ACAGACATTG CAAATTGGGG AAACGGGCCA CAAACTCAGA AACTGGTGGA	5580
20	AAGTCAGCTT AAAATAACAT GCAAGTTGGC GAGGCCCCAA AATAGTGAGA TCGGATTTCT	5640
	AATTTCTACA GACATTGCAA ATTAGGGAAA CGGGCCACAA ACTCAGAAGT TGGTGGAAG	5700
	TCAGCTTAAA ATAACATGCA AGTTGGCGGG GCCACAACAT AGAAAAATTG GATCCTCAAT	5760
25	TTCTACAAAC AATGTAAGTT GGGGAAACAG CCCCAACACT GAAACTAGCA GAAAGTCAGC	5820
	TTCTATGAAT ATAATAAAAA AGCTAGGTAA CAAAATGCTA CCTAACTTCA TATTCAAGAT	5880
	AATCAATCCT ATTTGATATA TGTTCTATAC TATACATTAT TTACATGATA AATAACTGAA	5940
30	TATTACACAA TTATAATACT TTACTGACTG TCTTCTTCAG AATTCCTTTC TTGATCATT	6000
	TGATCAGAGA TTGTTCCAT TTCTTTACCT AATTCCTTTA AATCTTCAAA ATCCGTTACC	6060
	ATACTGTTTT CTCTTTCATG ATAATTTAAT TTTGGATCTT TGTCTTTAGA CATAATCAAT	6120
35	ACCTCACAGA TTTTAATTA AGCAAAGCGT GACGTAAAGT AAGCTTTAAC ATCTTCAGGT	6180
	AAACCTGCAG CCGCTTCTTT ATCAAGAATA ACATTACCA TTCTATGTGC TTTTAAATCG	6240
40	GCTGGTTCGA AGCTTGTTTT ACCATTTTCT TGATATAATT TTTCAACTAC ATCTCGTTTA	6300
	TTAGCACCTG TCACTACTAA GAAAATTTCT CTGCTTCCA TTAGTCCTTG ACGAATACTA	6360
	ACATTTAACT TACCTTGCTC ATCGATAGAA ACAACTTGTA ATGTTAATTT CCCTTTATTT	6420
45	TGTTTAGTTT TAATCTTATC AGCGATTAAT TCGATTGCAT CTTTTTCATA AGCAATTGGA	6480
	TAAACTTGAC CTGCTGGTAC ACCTAACGCT TCGAAATATG ATTTTTTATC GTCATAATCT	6540
	AAAATATTTA TTGGCTAAA ATCAACAGCA TGTTTTTCAA CATTTTCTT TAATTCATCT	6600
50	AGAACTGGCG CTTGATCTGT ATCTAAATGA AAACCTGCAA TTGTAGTAGG ATTATTGTTA	6660
	AATTGCTTTC TAATAATATC AGCAGCATAT TCTGCTACAA GTTGACTATT GTCAAAGACT	6720

55

GATATTAATA ATTATTATAC CCTAACTTTC AATATATCAA ACCATTTAAC TTTAACATGC 6840  
 TTATACTCTA AATATAGCAC TTAAGCATCA TTTTATAAT GAAAATGAGT AAATTTTAAT 6900  
 5 TCAATCCCGG TAAATCTTGT TGACGTAACG CTTCATAAAT TAACAACGCA GCAGTATTTG 6960  
 ATAAATTTAA TGAACGAATA TGTTCACCTA TAGGAATTCT TAACGCTGTG TCTTGATATT 7020  
 TCTCTTTCAC CCAGTCTGGT AATCCTGTCG TTTCTTTTCC AAAAATGAAG TAAAAATCTT 7080  
 10 TGTCAATGATT TGAAAAATCA AAATCACTAT AAGTCTTTTT ACCAAATTTT GTTAATAAGT 7140  
 AATACTCGCC ATTTGTGACT TCAAAAAATG CTTCAATACT ATCATGATAC GTAATATTCA 7200  
 CAAATCCCA ATAATCTAAA CCGGCTCTTT TTAACATTTT ATCATCAGTT CTAAATCCAA 7260  
 15 GAGGTTTAAT TAAATGTAAA TGTGTGTTTG TACCTGCACA CGTACGCAA TGTACCAGT 7320  
 ATTAGCTGGG ATTTCTGGTT GATATAAAAC GATATGATTT GTCATATTAC TATTCTCTCC 7380  
 20 TTGTGTCTAA TCCTTTTATC ATTTCACTCT GAACTTCTGC ATCCTCTTGA TCATAATTAG 7440  
 CATTGATAAA ATCTCTTGCT TCTTCCCCAA GAATTGACC AATGGCCCAA TAAGCAGTTG 7500  
 CTCGAATCAA CGGTCTTTCA TCTGTTGTTG CAACTTTTTT CAATTCTGGA ATTGCATCCA 7560  
 25 CTTCAATAAA ATGCGCCAAT GCTAAAATAG CATTTGTTG TATCGGCTTT TTACCACGCC 7620  
 AAGCACCTGC AAGGTGACCA TATGTTTGTG TGAATCTTTT ATTAGACATA CGTAGTAAAG 7680  
 GTACTAATCT TGGCTTTAAA ATTTCTGGTT CCAAATGAT GTCATCTTGT TCGGTATTAA 7740  
 30 TACCTCTATT TTTCGGACAA ACTTGTGAC ACGTATCGCA ACCATATAAT CTATTCCCAA 7800  
 TTTTATAACG ATATTGGTCA GGCATATAGC CTTTGTGTTG CGTTAAAAAA CTAATGCATT 7860  
 TCTGACTATT TAATTGGCCA TTTCCAATA ATGCACTTGT TGGACAACGA TCAACACAAA 7920  
 35 TTGTACAATG CACCACAGCT ATCTAATAAT GGATCATCAG GTTCC 7965

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 322:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1302 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 322:

GCCCTGTTGG AGAAATCACC TTTATACGAT GGTGAAAAA GCATCATTAG GTACAATCGT 60  
 50 GGCAATTATA GTTATTTTGC TGTTTTAAAG AAACATTCGT ACGACGGCAA TTTCTATTAT 120  
 ATCGATTCCG TTATCACTTC TTATGGCGCT TATTGCTCTG AAATTGAGTG ATGTTTCATT 180

TGTAGTTGTT GAAAATATTT ATCGACGCTT AACAGATTCA GAAGAACAAC TAAAAGGTGA 300  
 AAATTTAATT ATCAGTGCGA CAACTGAAGT ATTTAAACCA ATAATGTCAT CGACACTAGT 360  
 5 TACTATTATC GTCTTCTTAC CACTTGTGTT TGTATCAGGT TCAGTAGGCG AAATGTTTAG 420  
 ACCTTTTGCA TTGGCTATTG CATTTAGTTT ATTAGCATCG TTATTAGTGT CAATTACACT 480  
 CGTTCCAGCG TTGGCAGCTA CACTATTTAA AAAAGGCGTT AAACGTCGTA ATAAACAACA 540  
 10 TCAAGAAGGA TTAGGTGTTG TTAGTACAAC TTATAAAAAA GTATTACATT GGTCATTAAA 600  
 TCATAAGTGG ATTGTAATTA TATTAAGTAC ATTAATTTTG GTTGCAACTA TTGTATTTGG 660  
 AGGACCGAGA CTAGGCACTA GCTTTATTTT AGCAGGTGAC GATAAATTTT TAGCTATTAC 720  
 15 TTATACACCG AAGCCTGGTG AAACGGAGCA AGCAGTGTG AATCATGCGA AAGATGTTGA 780  
 AAAATATTTA AAACAGAAAA AGCATGTAAA AACAATTCAA TACTCAGTTG GCGGTAGTAG 840  
 20 TCCAGTAGAT CCAACGGGTA GTACAAATAG TATGGCAATC ATGGTTGAAT ATGATAATGA 900  
 CACGCCTAAT TTTGATGTAG AAGCGGATAA GGTTATTAAA CATGCAGATG GCTTTAAACA 960  
 TCCTGGAGAG TGGAAAAATC AAGATTTAGG AACAGGTGCA GGTAAATAAAT CTGTAGAGGT 1020  
 25 TACTGTAAAA GGTCCATCAA TGGATGCCAT AAAATCAACT GTAAAAGATA TTGAACAGAA 1080  
 AATGAAACAG GTTAAAGGAC TAGCCAATGT CAAATCTGAT TTATCGCAA CATATGATCA 1140  
 GTATGAAATT AAAGTCGATC AAAATAAAGC GGCAGAAAAT GGTATTTCTG CAAGTCAACT 1200  
 30 TGCAATGCAC TTGAATGAAA ACTTACCAGA AAAACAGTT ACGACTGTTA AAGAAAATGG 1260  
 TAAACTGTT GATGTTAAAG TCAAACAAAA TAAGCAAACA GC 1302

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 323:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1003 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 323:

45 ATATATATTA ATTTAAACGT GTTTCACATG TACCAGTGTT AATGACAGAT AATGCTGCGT 60  
 TTAAACCACC TTCAACAAGG TTTTGTACTG CTTTCATCAGA GAAGAAAGCA ATATGTGGTG 120  
 TTAATAAAT TCTTTCATGT TCGATTAACT CTAATAATGT TTTATCGTCA ATGTCTTTAT 180  
 50 TAGTCCAGTC ATTTGTGAAG TATGCTGCTT CATTTCATA AGTATCAATC GCAGCACCTA 240  
 ACAAAGTACC ATCGTTCCTT GCAGCGATTA AATCAGGTGT ATTGATGACT GCACCACGTG 300

55

GATAGCTTTC TTTGTTTCGCT GGAACATGTA AAGAAATAAT ATCGGCATCT TTAATAGCTT 420  
 CTTTAACACT ATCTTTTATAA GTTAAAAAGT CTAAATCTTT ATTAGGATAG GCGTCATAAG 480  
 5 CTGTAATTGT AGCACCAAT CCTGCATATA TtTTAGCTGT AGCAGCACCG ATACGACCCG 540  
 TACCAATAAT TGCAACAGTC ATATTTTTTAA CTGGTTTAGA CATGATTTCT GCTTGCCAAG 600  
 TAAAATCATG TGCTTGTACA CGGCGTTCAA TATCTGGGAA GCGACGCACT AATTGTAGGG 660  
 10 CGATAGATAC AGAATACTCT GCAATtGTTT CAGGTGAATA ACTAGGAACG TTAGATATCA 720  
 CAATATTGTG TTTTTTAGCT AAATCTAAAT CATACATATC AAATCCAGCA GTACGTTGTG 780  
 15 CAATTGTTT AATACCGTAA GATTCTAATT TAGGATAAAC GTCATTTTCT AACTTACCAA 840  
 ATTGCATTGT AGTTACGCCA TCGTAATCTT TTAATTGAtC GACTGTAGCA CTTGATAATA 900  
 GCTCTTTAGA AGTAGTTACT TCGACATTAT TCTtTtTCCC CCAATTTAAT GCCATCTCTT 960  
 20 TCTCATAATC ACGCGTACCA AAGAACATAA TTCTCGTCAT TAT 1003

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 324:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5030 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 324:

GGCTTTTATA GTGTTTACGA TTATTATGAT TACTTATATT CACGCTGTTA AAAATTATCC 60  
 35 AAATAACCGT ACTGTTTATT ATGGTTATAC AGCTGCATTT ATACTTGTTA TATTACAAGT 120  
 TATCACAGGT GCATTATCTA TTATGACAAA TGTTAACCTG ATAATCGCAC TTTTCCATGC 180  
 ATTATTTATC ACTTATTTAT TTGGTATGAC AACATACTTT ATCATGCTAA TGTTACGATC 240  
 40 AGTAAGAAGT GACArGCAAT AACaAAAAAG cmAACCGTAA TTTAATGGC ACGCCCATTA 300  
 AAATTACGGT nTTTATATC AATATTTAAA AtTAAACCTa AGCCATGTAA AAACGAGATT 360  
 45 ACACGTCAAT TGTGTGTAA TCTCGTTTtA ThTTAATCAT TTTAGTCAGT TGCTTTTTTCA 420  
 ATTTCGATTA ATAAATCGCC TGTCGCTATT GTGTCACCAT TATTACAGT TACTTGTTTA 480  
 ATCACACCGT CAAATGGTGC TTGAATTGTT GTTTCCATTT TCATAGCTTC AGTAATTAGC 540  
 50 AACGGCTGAT TAGCTTTCAC AGTTTCACCT AACTAACCT TGACTTCAGT TACTGAACCT 600  
 GGCATTTGAG CACCGATATG ACTTGGATTA CTCTTATCTG CTTTGGCTT AACGTTTCGA 660  
 TTTGTATGCA CATTTTCATC TTTAATGTAA ATACGTCTCG CTTGACCATT CATCGCATAG 720

	CGTTTACCTT TATCGATTTC GATTTCTACT GTTTCACCAT TACGCATTCC AAAGAAGAAT	840
	GTAGGCGTAT CAAGTAACGA TAAGTTTCCG TATTGATTTC TAGTTTGAAT ATATTGTTCA	900
5	TATACTTTTG GATATAGTAC ATAATAATA ATATCTTGCT CCGTAACAGG ACCTTGTGTC	960
	TCTTCTTCAA GCAACTCAG GACTTTTTC AAATCAACTG GCTCTAGATA TTCACCTGGA	1020
	CGAGCTGTTA GTGCTTCTTG GCCTTTTAAA ATAACCGCTT GTAAATCTTT ATTAAAACCA	1080
10	TTTACAGGTT GTCCTATTTC ACCTTTGAAG AACGACACTA CTGATTCTGG GAAATCTAAT	1140
	TTATAGCCAT CTGTAATCAC GGATTGTTCA TCAAGATCAT TTTGTACCAT ATAAAGTGCC	1200
15	ATATCACCAA CTACTTTAGA CGATGGTGTT ACTTTTACGA TATCACCAA TAAGAAATTC	1260
	ACTCTGCGAT ACATATCTTT GACTTCATCA AATCTTTCGC CTAAACCTAA ACTTTTAGCT	1320
	TGTTGACTTA AATTCGAATA CTGTCCACCA GGCATTTCAT GTTGATAAAT TTCAGTATTC	1380
20	GGTGATTGTA TATCACTTTC AAAGTCTGAA TAATAAGTAC GTACAGTTGA CCAATAATGA	1440
	CTAAGTGA CTACACCTTC AATATCAGTT CTAAGGTGGC GTGGGAAGCC ATTTAATGCA	1500
	TAATATAACG AATTGGCGCT TGGCTGACTT GTTAAACCAC TCATTGAAGC AACAGCAGTA	1560
25	TCAATGATAT CGACACCAGC ATCTATTGCT TGTTTGTATG TTAATAAACC ATTACCACTT	1620
	GTATCATGAG TGTGAAGATG AATTGGTAAA TCTACAGCTG ATTTTAACTC ACCAATCAAT	1680
30	TCGTAAGCGG CTTTAGGTTT TAATAAGCCT GCCATATCTT TAATCGCTAA AATATGGAAA	1740
	CCTTCACGTT CTAACCTCTT AGCTAGTTTG ACATAATACT CTAAAGTATA AATGTTTGAT	1800
	CGCTCAGGAT TTAATATGTC ACCTGTATAA CAAATAGTAC CTTCTGAGAT TTTGCCCCGT	1860
35	TCTTGTACTG CTTCAATTGGC AACTTTTCATT TGATCTACCC AGTTTAAATGA ATCGAAAATT	1920
	CTAAAGACAT CTATGCCTGC TTTAGCACTT TCTTGTACGA ATTTATGAAT AACATTATCA	1980
	GGATAGTTTT TATAACCAAC TGCGTTTGAA GCACGTAACA ACATTTGGAA TAATACATTT	2040
40	GGAATAGCTT TACGTAGACG TTCAAGTCGT TCCCATGGGT TTTCCTTCAA GAAATTATAT	2100
	GCCACATCAA ATGTAGCACC GCCCCACATT TCTAGTGAGA AACCATCTTT AAATACGTCC	2160
45	GCTGTTTTTG ATGCGATATT AATCATATCC TTAGTTCTAA CTCGTGTAGC TAATAATGAT	2220
	TGGTGTGCAT CTCTAAAGGT TGTATCTGTT AGTAAGACAT CATCCTGCTT TTTAACCCAT	2280
	TCAGCTACAC CTTTGGACC TACTTCATCA AGCAATTGTT TCGTACCACT AAATGAAGCG	2340
50	ATTTTACTTG AAGATACAGT TGGAATTGAT GCTAATTCAT AGTCTGGTTT CGGACGTTTC	2400
	TCAACATTTG GGAAACCATT AATTGTTACA TTACCTATAT ATTCTAATGT TTTAGTACCT	2460
55	CTATCTAGAG ACGGCTGAAT GTCGAAAAGT TCTGGTGTTC CTTCAATAAA TTTAGTTGTG	2520

	TTAACACCAC	GAATACGCAT	TTCTCGTAAT	GAGCGTACCA	TTTTTTCTTC	TGCTTGTTTA	2640
	AATGATATCG	CGTGTGTAGA	TAATTTTACG	AGTAATGAAT	CATAATAAGG	TGATATCTCA	2700
5	GCACCTTGGA	AACCATCTCC	AGCATCAAGA	CGTACACCAA	AGCCCCCGCT	TGAACGATAA	2760
	GCAATGATTG	TTCCAGTATC	CGGCATGAAA	TCATTTAACG	GATCTTCTGT	TGTAATACGA	2820
	CATTGGATGG	CATAGCCTAA	TGTTGTAATA	TCTTTTGTG	GCGGCATATT	AATCTCTTCA	2880
10	CCAAATAAAT	CGGCACCTGC	TGCAACTAAA	ATTTGTGTCT	TAACAATATC	AATTCCTGTT	2940
	ACCATCTCTG	TAATTGTATG	CTCTACTTGT	ACACGAGGGT	TAACCTCTAT	AAAGAAGAAT	3000
15	TCGTCACCAG	ATACTAGAAA	TTCAACAGTA	CCTGCATTGA	CATATTTAAT	ATTTTCCATC	3060
	AATTGAATTG	CAGCATCACA	AATACGTTGA	CGTAATGTTG	ATGATAATCC	AACTGATGGT	3120
	GCAACTTCTA	CAACTTTTTG	ATGACGACGT	TGTACTGAAC	AATCACGTTT	AAATAAGTGT	3180
20	ACGATATTTT	CATGTTTCGT	ACCTATGACT	TGTACTTCAA	TATGCTTTGG	ATTATCAATG	3240
	TATCTTTCTA	TGTAAACTTC	ACTATTACCA	AATGATTTTT	CAGCTTCTGA	TTTGCTCTA	3300
	TGGAAAGCAT	CTTCTAATTC	ACTTTCTTCA	CGAACGATTC	TCATACCTTT	ACCGCCGCCA	3360
25	CCACTTGTGG	CTTTAATCAT	TAGCGGGAAA	CCAGCTTCTT	CTGCAAATTC	TTTGCTAAT	3420
	TCATATGATT	TAATTGGACC	GTCTGTACCA	GGAATAACTG	GTAAATCTGC	CTTGATAGCC	3480
	GTTGTACGAG	CTTTAACTTT	ATCTCCAAAC	ATATCTAAAT	GTTCTAAATG	AGGACCAATA	3540
30	AATTTAATTC	CTTCTTCTGC	ACAACGACGC	GCAAATTGTT	CATTTTCACT	TAAAAATCCA	3600
	TAGCCAGGAT	GAATCGCATC	CACATTGCTT	TGTTTTGCTA	CATCAATGAT	ACGCTCAATA	3660
35	TTTAAATAAC	TTTCAGCAGG	ACCTAAATCA	CTTCCAACTA	AATAGGATTC	ATCTGCTTTA	3720
	TATCTATGTA	ATGAACTTTT	GTCTTCATTC	GAATAAATTG	CAACTGTGCT	GATGTCTAAT	3780
	TCTGCCGCCG	CTCTGAATAT	ACGAATTGCA	ATTTCTCCAC	GGTTAGCAAC	AAGTAACTTT	3840
40	TTTATTTGTT	TCAATAGCGA	TACACTCCTC	AAACTATTAG	AATTTTCTAA	CTAATTAGAT	3900
	AATAAAATTT	TATCTTAAAG	CGCTCTGTTT	TGCTATAGTt	mTGTTTTcMAA	TTTTCAAAaT	3960
45	TTaACATyCT	tGAGACAATT	AAAaCCyCCG	CTTcMGAaAT	AATAATTTCA	AAAATGACTA	4020
	TGCAACAACA	GGTAGTTCCA	CGTTTTTGTT	GTGAACATT	TTCGATTTCT	ACAACCTCTAA	4080
	AAAATTAAAA	ATAAAATTGC	AAAACATCAA	CATTTATTAT	CAATAGCGAT	AACTTTATCT	4140
50	TATCATCATG	ATTCTAATTT	CGCCACCACA	TTTAGTAATT	TTTAGTCATA	AAATTTAGTT	4200
	ATAATTATAC	GTTGTTTTGT	TTATAAAATT	TGATAATCak	GAGTAATCtC	GTAATATCAA	4260
55	AACaAAAAGG	AAGTTAAGCG	TTGTTTGGTT	GcCTAACTTC	CGTTATTGAA	CTCATCcAGT	4320

	TCTCGTACTA AATATTGGCT AGTATTTTTT TAATTAAATT GTCTTCTTAT ATCAACTTTT	4440
	TGTTGTTGTT TCTTTCGTTG CTGGTCTACT TTGATTTGTT TACCTACAAT CAGAAGTAAA	4500
5	CCCATAGCAA TACTTAACT AATCATTGAT GATCCACCAA AGCTGATAAA TGGCAATGGC	4560
	ACACCAGTTA ATGGAATTGT TGCCGAAATA CCGCCAATGT TTACAAACGT TTGACTTCCA	4620
	AAGTATGTGG CAATCCCAAC ACACACAAGT TTATAAAAAT ATGATGATGT TTTATTTGCA	4680
10	AACTGGAAGG CACGATATAC AATAAAGAAC TCTAAAGTAA TAACTAGCAA TCCTCCGATT	4740
	AAACCTAATT CTTGCAAAAT AATTGCAAAA ATAAAATCTG TATGTGGTTC TGGTAAATAG	4800
15	CCCAATTTCA TTGCACTATT TCCTAATCCT TTTCCAAATA CGCCACCGTT ACCTATCGCA	4860
	AGCAATGAAT TGGAAATATG GTATCCAGTT CCTGATTCGA ATTGGAATGG ATCTGTTAGC	4920
	GTAATAATC TGGCAGTTAA ATAAGTTGGT AACCAACCAG CCATTAATGC AATGACAAAT	4980
20	ACTACTAAGA ATCCTAGCAC TGCTGGTATA CCAAATCTTA GGACTTTGTT	5030

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 325:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1389 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 325:

	CTTGTTAATC CGAAAATTAT TAGTCAATCA AATGAAACAA TAACAGACTT nGAAGGTTCA	60
35	ATTACATTGC CAGATGTTTA CGGCGAAGTG ACAAGAAGTA AAATGATAGT TGTCGAAAGT	120
	TATGACGTCA ATGGGAACAA AGTTGAACTA ACTGCACATG aAGATGTAGC AAGAATGATT	180
	TTGCATATTA TAGATCAAAT GAACGGTaTC CCTTTTACAG AACGTGCGGA CCGTATTTTA	240
40	ACAGATAAAG AAGTGGAGGC ATATTTTATA AATGACTAAA ATAATATTTA TGGGTACACC	300
	AGACTTTTCA ACAACTGTTT TAGAAATGCT TATTGCAGAA CATGATGTCA TTGCAGTCGT	360
45	AACGCAACCA GATCGACCTG TTGGACGTAA ACGTGTTATG ACACCACCAC CAGTTAAAAA	420
	AGTTGCAATG AAATATGATT TACCTGTATA TCAACCTGAA AAATTAAGTG GATCAGAAGA	480
	ATTAGAACAA TTGCTTCAAT TAGATGTAGA TTAAATTGTA ACTGCTGCTT TTGGACAATT	540
50	ATTACCTGAA TCATTGTTGG CATTACCAAA TCTTGGGGCA ATTAATGTAC ATGCATCATT	600
	GTTACCGAAG TATAGAGGTG GTGCACCAAT TCATCAGGCA ATTATCGATG GTGAACAAGA	660
55	AACCGGCATA ACAATTATGT ATATGGTTAA AAAATTAGAT GCGGGTAATA TTATTTGCGA	720

ATTAGGGGCA GATTTATTAA AAGAACTTT ACCATCTATT ATAGAGGGCA CAAATGAAAG 840  
 CGTACCTCAA GATGATACGC AAGCAACATT TGCTTCCAAT ATTCGACGCG AAGATGAGCG 900  
 5 AATTAGCTGG AATAAACCAG GAAGACAAGT GTTTAATCAA ATTCGTGGAT TATCACCATG 960  
 GCCAGTTGCT TATACAACCTA TGGATGACAC TAACCTGAAA ATATACGATG CTGAACTCGT 1020  
 TGAGACTAAT AAGATAAACG AGCCTGGAAC CATTATAGAA ACGACTAAAA AAGCCATTAT 1080  
 10 TGTTGCTACA AATGATAATG AAGCTGTTGC AATTAAAGAT ATGCAATTAG CTGGGAAAAA 1140  
 GAGAATGTGA GCTGCCAATT ATTTAAGTGG TGCGCAAAAC AACTAGTAG GGAAGAACT 1200  
 15 TATATGATAG AAAACGTGAG AAGTCTTGCT TTTGACACGA TTCAAGATAT ATTAATGAA 1260  
 GGTGCGTATA GTAACCTGCG TATCAATGAA GTGTTGTCAG AAAATGAATT AAATGCAATG 1320  
 GATAAGGCTT TATTTACAGA AATTGTCTAC GGAACCGTTA AAAGAAAATA TACGTTAGAT 1380  
 20 TTTTATTTA 1389

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 326:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2746 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 326:

TTTGCTAATA ACAATAAAGC CAAAGCCGAT TCACACTCTA AACAGCTAGA AATTAATGTT 60  
 35 AAGAGTGACA AAGTACCTCA AAAAGTAAAA GATCTAGCAC AACAACAATT TGCTGGTTAT 120  
 GCTAAAGCAT TAGATAAACA AAGTAATGCA AAACTGGTA AATATGAACT TGGCGAACTT 180  
 TTAAATTTA TAAATTTAAT GGTGAAGAAG ATAATAGTTA CTATTATCCA GTTATAAAG 240  
 40 ACGGTAAAAT TGTTTATACT TTAACACTTA GTCCTAAAAA TAAAGATGAT TTAAACAAAT 300  
 CAAAAGAAGA CATGAATTAC AGTGTTAAAA TTTCAAACCT CATCGCTAAA GATTTAGACC 360  
 45 AAATTAAAGA TAAATATTCA AATATCACTG TTCTTACTGA TGAAAAAGGG KTTTATTTTG 420  
 AAGAAGATGG CMAAGTTAGA TTAGTAAAAG CTACGCCTCT ACCTGGTAAT GTAAAAGANA 480  
 AAGAAAGTGC TAAACAGTT TCAGCAAAAT TGAACAAGA GTTAAAAAAT ACAGTAACAC 540  
 50 CTACTAAAGT TGAAGAAAAC GAAGCGATrC AAGAAGATCA AGTTCAATAT GAAAATACAT 600  
 TAAAAAAGCTT CAAAATTWGA GaACAACAAT TCGATAACTC ATGGTGTGCA GGATTGAGTA 660  
 TGGCAGCATT ATTAATGCa ACTAAAAATa CAGACACTTA TAATGCACAT GATATTATGC 720



	AAATGATTGA ATACGGTAAA TCACAAGGCA GAGATATTCA TTATCAAGAA GGCCTACCAT	840
	CATATGAACA AGTTGATCAA CTTACAAAAG ATAATGTAGG AATTATGATC CTTGCACmAA	900
5	GTGTATCTCA AAACCCTAAT GACCCACATT TAGGACATGC GCTAGCAGTT GTTGGTAATG	960
	CTAAAATTAA TGACCAAGAA AAACCTATTT ACTGGAATCC TTGGGATACA GAATTATCAA	1020
10	TCCAAGATGC AGATTCAAGC CTATTACATT TATCATTCAA TCGTGATTAT AACTGGTATG	1080
	GTTCAATGAT AGGTTACKAA AAAGTAATAT AGATATTGAT TAAAGGCAGG TAAAACTATG	1140
	TATCAACTAC AATTTATAAA TTTAGTTTAC GACACAACCA AACTCACACA TCTAGAACAA	1200
15	ACCAATATCA ATTTATTCAT TGGTAATTGG AGTAATCATC AATTACAAAA ATCAATTTGT	1260
	ATACGTCATG GCGATGATAC AAGTCACAAT CAATATCATA TTCTTTTTAT AGATACGGCA	1320
	CATCAACGCA TTAAATTTTC ATCTATTGAT AATGAAGAAA TCATTTATAT TCTTGATTAT	1380
20	GATGATACAC AGCATATCCT CATGCAAACG TCATCCAAAC AAGGTATTGG CACTTCGCGA	1440
	CCAATCGTTT ATGAGCGCTT AGTATAACTA ATTTAAATGA TTTCACCTCA TAAAGCGGGT	1500
	TGGCGAGAAT TCAATTTCTC ACCAGCTCGT TTTTTCATTG TAATAATAAT CTTTAACATT	1560
25	TATTCTTTCT CTATTAATTT TTCTCAAAC ATCTTATCTT TATGATAATT AATTAAAATG	1620
	CCCTTTTAAA TTCTTATAAA ATAAAAAGC CACCTATCGT CGCTAATAAA CGACGCAAGT	1680
30	GACTTAATAT CATATTCAAA ATAACCTATG GGAATTTAGG GAATTGATCG AAGTCAGGAT	1740
	CACGTTTTTC TTAAACGCA TCACGGCCTT CTTTCGCTTC ATCAGTTGTG TAATAAGCA	1800
	ATGTTGCATC CCCAGCCATT TGTGTAAAC CAGCTAAACC ATCTGTGTCA GCATTCATAG	1860
35	CTGCTTTAAG GAATCGTAAC GCTGTTGGTG AGTGTTCAT AATCTCTTTA CACCATTGCA	1920
	CAGTTTCATC TTCAACTTTC TCTAAAGGTA CCACTGTATT TACTAGACCC ATATCTAAAG	1980
	CTTCTGTGC ATTGTATTGA CGACATAAGT ACCAAATTTT ACGTGCTTTC TTATGTCCAA	2040
40	CGATACGTGC TAAATATCCT GAACCATAAC CCGCATCAAA TGAACCTACT TTAGGACCAG	2100
	TTTGTCCAAA AATAGCATT TCAGCAGCAA TCGTTAAGTC ACAAACAACA TTTAGTACAT	2160
45	TACCGCCACC TACAGCATAA CCTTTTACCA TCGCGATAAC CGGTTTTGGA ATAATACGAA	2220
	TTAAACGCTG TAAATCTAAT ACATTTAAGC GAGGGATTG GTCTTCACCT ACATAACCAC	2280
	CATGTCCACG TTTCTTCTGG TCACCACCAG AACAGAATGC TAAATCACCT TCACCAGTTA	2340
50	ATACGATAAC TGAAACGTTT TGATCATCAC GTGCACGTGA AAATGCGTCA ATCATTTTCA	2400
	CAACTGTTTT AGGTGTAAAC GCATTGCGTA CTTCAAGGCG ATTTATTGTT ACCTTAGCAA	2460
55	TCCCTTCGTA AAATTCATAT TTGATTTTAT CATATTCTCT AAGTGTTTCC CATTGTCTGT	2520

TCCACATGAA TTGTATGACC TGTAGCAGAA ATTAATTTAC ATTTACTATT AGGAATTAAA 2640

TTTGCCATTT TTTTCGCAAT CTGTACAAAT TTTTCATCAT ATTCTCCAGC TAATATTAAT 2700

5 GTTGGTACTT TAATTTCTTt CAGCGCGGCC ATAAGTTTGG CATTG 2746

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 327:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 900 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 327:

TAATGTTTAG TTTATTAACA GTAAGTTCGT ATATCAATGT TTAGTGCTCC CCAAAATTGA 60

20 AGTTTGAATT TTAAAAGCAT CTGTAGAAT TTAGTTGTAT TTTTTTCAAA GAAATTCATT 120

TTGATTATTT TTGATAATGA GCATTTTAAT AGTAATACAT GTTATAGTG TGTAGTATAT 180

GTCTATACTA GTAGTAACTA TATAGAGAAA GTAGGAATAA ACTATGTCAC AAGATGTAAA 240

25 TGAATTAAGT AAGCAACCAA CGCCAGATAA AGCAGAAGAT AACGCATTTT TCCCATCACC 300

ATATCCCCTT AGTCAATATA CAGCACCTAA AACAGATTTT GATGGTGTTG AACACAAAGG 360

30 TGCCTATAAA GATGGTAAAT GGAAAGTATT GATGATTGCT GCTGAAGAGC GATATGTATT 420

ATTGAAAAT GGAAAATGT TCTCTACGGG TAATCATCCT GTTGAAATGT TATTACCTTT 480

ACATCATTTA ATGGAAGCAG GTTTTGACGT TGATGTTGCG ACATTATCTG GTTATCCAGT 540

35 TAAATTAGAA TTATGGGCTA TGCCAACTGA AGACGAGGCA GTTATAAGTA CTTATAATAA 600

ATTGAAAGAA AAATTAAAC AGCCAAAAAA ATTAGCAGAT GTGATTAAAA ATGAATTAGG 660

ACCTGATTCA GACTATTTAT CTGTCTTTAT CCCAGGCGGA CATGCTGCAG TTGTTGGTAT 720

40 TTCTGAAAGT GAGGACGTTT AACAAACATT AGATTGGGCA TTAGACAATG ACCGCTTTAT 780

AGTTACATTA TGTCATGGAC CAGCAGCACT ACTTTCAGCA GGGCTTAACA GAGAAAAATC 840

45 TCCATTAGAA GGATACTCTG TTTGTGTCTt CCCTGaCTCA TTAGATGAAG GTGCAAATAT 900

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 328:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 3642 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

	ATCTGAnTnG	AGATAGTGAT	AATGTGTCAC	CcAATTTTaA	AcCtTTATTT	TTaAGcGtTT	60
	CaTCaGCTAA	CaCtTCaTTa	TcTtTAGtCG	cTTTATGcCC	tTcTATTAAA	CtCGGaActA	120
5	AAAATGaTga	CtTTTCAACa	CCGAACaCTA	AAACaTTGtC	tTTTTGATGG	CCaTTAGACA	180
	CAATTTCCCC	TGTTTGCTTC	AAAGTAGCTT	GCTTCTTGTA	TTTATTTTCA	ATATCTTTCT	240
	TGTTAAAAAC	AGATTGTTGC	ACAGTTTGAT	TGGCATCTTT	ATTTAGAACA	ATGGCATCTG	300
10	CTTGCCACTT	ATCAATGCCT	TCTTTATTCA	TATTGATAAG	ACCATTGCCC	AATCCAGATA	360
	ATAAAAATAG	CAAGTAACTA	ATCATCGTTA	ACACACCAAT	AATTAGTCCA	AACTTCAATT	420
15	TGTTGCGCCG	TATTTcATTc	CAAGCTAAAA	ACATGCATTT	CTCTCCCTAC	TACTATGATT	480
	TAAACATTGT	TTATATTCTT	AGATGCACGT	ACGTCGTGTT	GCGCTCTGTA	ATGTTATACA	540
	TACACTTATC	CTTCATTATA	CCCGAACTTT	TTATATTAAA	AGCAAATTTA	TGGAAAATGC	600
20	AATTAATTGT	CTATTATTTT	TGTACGGTAC	ATTTAAAAAT	AAGGATCAAT	TTAAAAACGC	660
	CTACATATAC	CTTTAAGTAC	ATGTAGACGT	CCAATTCATA	TATTATTTAA	CTTCGCTGT	720
	TTTAGGATCG	AATTGCTTAA	TAGCATTTTT	ACGTAATTTA	TCTTTTGCTT	TrTCACTTGC	780
25	TTTATAGTTA	TTGTTGTAAA	TCGTAGCTTC	CCAACCTACCA	TACATTGGGT	TAGGGAAAAT	840
	GATATATTTc	TTACCGAAAT	CGTCTTTATG	TTTTTCAATT	AATGCTTCAC	GAGATTcAGC	900
30	TGTAGCTTCT	TTTGATCTG	TAAAGTCTAA	TAAATTATCT	CCAATAGCA	TGACAAGTTT	960
	ATGATCCTTT	TGAACCATTT	GTCTGCGTGA	TTCTTTACTC	TTATCATCTT	TACCTTTTAG	1020
	TAAAATATGA	CTCTTCTTAG	CTTGAGGGAT	ACCTTGTTGT	TTTAAGTTCT	TTTGTTGTC	1080
35	CTTTAAATCT	TTTTCTTTAT	CTCTATCAGA	AATATAGTAG	ATATCGACAC	CTTTTTTGTC	1140
	AGCATATTTc	AAGAATTCTT	TTGCGCCATA	GACAGGTTTA	GCTTTAGCAG	CTTGTAACCCA	1200
	TTcATGCCAA	CCTTCTGGGA	AAGGTTTATT	ATGTATTGAT	GCATAGCCTT	GATATGGAGA	1260
40	ATTATCTAAA	ACTGTTTCAT	CTAAATCCAA	AGCAATAGCT	AACTTATGTT	TACCTTTATT	1320
	CTTTTTTAATC	TCTTTATCTA	ACTGTGTCTT	TGCACTGTTA	TAACCTTGTA	AATATAATGC	1380
45	TTTTGCTTCA	GCTGAATTTT	GATACCAAGC	CACTGCCATA	ATATTTTGAT	TACCAAGATT	1440
	CGCCTTTTGT	GATGCTGGTA	TAGAAGCTTG	TTGCGTTTGT	TGAACCTCAG	CAGAACTTTT	1500
	GGCAAACGCT	GTAgaATTTG	TCGTTTGTGG	TGCTGAAACT	GTAACCGCTA	CCGATAATGA	1560
50	TGCTATTGCA	ATATACTTTG	AAATTTTATT	CATCTTATCA	CCTCATGATT	AATATTTAAA	1620
	ATACAGTTAA	AATTATAAAT	GCATTTATTT	AATATTGCTA	TACTATGAAA	AGATATTTAA	1680
	TATTATTTCT	TGgAAAAGCT	AACAAATATG	TGAACATTTc	ATATAAGCAT	GATTTAATGG	1740
55							

## EP 0 786 519 A2

	GTGACTAGGC	CTTCCTATCA	GACATATTCA	CTCATCCACG	TATCATTATG	TGTACAGTGT	1860
	GCTATCTCTT	ATTTACCTAT	TGGAACAACC	ATAAACTCAT	CCATAGTTTA	CCTTTTATAA	1920
5	ATAGCAGTCC	TCACTCATAC	AATTTCTCAT	AAAAATCACA	ACGCTCCAAC	GTATTTCCAA	1980
	CTTACTTTCA	CCTATTTTAA	TTCATAAAAA	CGACACTTTA	ATTGTCATTA	TCCAATAATA	2040
	GCAAGACGTT	ATTATTGCAA	TCTTTTTTAT	AAAATAATAG	AATCATAGTA	TTGTCATTTA	2100
10	AAGATAAAGT	AAGAACGTTT	TTATTTTTC	GATTTTAA	ATTATTATGA	ATATCTAGTT	2160
	TTAGGAAGGA	AATTACATTG	AAAAAACAAG	TTATTATTTT	GGGCCTCATG	TTATTTTCAC	2220
15	TATTTTTTGG	AGCCGGAAAT	TTAATATTCC	CGCCCATGCT	TGGCCATACA	GCGGGTCAAA	2280
	ATATGTGGAT	TGGTATGCTA	GGCTTTGCC	TTACAGGCAT	ATnACTCCCC	TTTATTACTG	2340
	TTATTGTTGT	TGCATTTTAT	GATGAAGGTG	TTGAAAGTGT	AGGCAATCGT	ATACATCCAT	2400
20	GGTTCGGGTT	TATTTTGGCT	GTCGTGATTT	ACATGTCTAT	CGGAGCATTT	TACGGTATTC	2460
	CACGTGCTGC	AAATGTCGCG	TACGAAATTG	GTACAAGACA	CATTTTACCT	GTGCATAACC	2520
	AATGGACTTT	AATTATATTC	GCAGCAATCT	TTTTTGCCAT	CGTTTACTGG	ATTAGTTTAA	2580
25	ATCCATCGAA	AATCGTTGAT	AATTTAGGTA	AATTATTAAC	ACCGTTATTA	CTATTAATGG	2640
	TCGCTCTATT	AAGTATTGCT	GTCATTTTCA	ACCCTGAATC	TGCACTAAGT	GCACCTAAGG	2700
30	ATAAATATAT	AACACATCCT	TTCATTTTCAG	GAAGTTTGGA	AGGCTATTTT	ACAATGGATC	2760
	TTGTTGCTGC	GTTAGCTTTT	TCGGTAGTCA	TTGTCAATGG	CTATAAGTTT	AAAGGCCTCA	2820
	CAGATCGCAT	GAAATTTTAA	AAATATGTCT	GCTTTTCAGG	TCTTATTGCA	GCCATATTAC	2880
35	TTGGAATGAT	TTACTTTGCA	CTTGACATACG	TTGGGGCATC	AACAGCTCCA	GGAAACTTTA	2940
	AAGATGGTAC	AGATATATTG	ACGTACAAC	CATTACGATT	ATTGTTGTTG	TTGCGTAACC	3000
	TCGTATTTGG	AATGACGGTT	ATCCTTGAT	GCCTAACAAC	ATGTATAGGA	CTCGTCAATG	3060
40	tTGCGCCACA	TTTACTAAGA	AACACGTACC	TAAGTTTCT	TATAAAATAT	TCGCACTTAT	3120
	TTTctCTATC	ATAGGGTTCT	TATTTACAAC	ACTTGGTTTA	GAAATGATTT	TAAAAATTGC	3180
45	TGTCCCATTA	TTGACTTTAA	TATATCCCGT	GTCGATTGCA	CTTGACTCA	TATCATTTGC	3240
	TAACATGTTT	AGCACATTCA	GATTCAAGTTG	GGCCTATCGA	CTCGCAACTG	TTATTACATT	3300
	GATTATTTCA	ATTTTACAAA	TACTAAATAG	TTTCAACTTA	TTACACGGTG	TTATTTTGAA	3360
50	ATCGTTTATG	ATGTTACCTT	TAGCAGATAT	CGATTTAGCT	TGGCTTGATC	CATTATGCT	3420
	CTTGCTATT	ATCGGTTTCA	TAATCGATGT	ATTTATACGC	CGTCCGAAAC	AAGCGACAAC	3480
55	TTAATAAATG	CTCACTGCCT	AGTAATGATT	GACCCATCGT	TACTAgGCTT	TTtATATGA	3540

TAAAAAATCC TAGCTGTTAT TCAAAAATAT TAGTTTTTAA AA

3642

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 329:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2187 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 329:

15	TTATTGATAT TGAAAATTCA AAAACTGCAA CACATCTTAT CACTAAAAAC CAACACTATC	60
	ATCAAACTGA CACTCATTTT GAACAGTATA AGAAATTTAT TTTAGATTCA GGTATATCAT	120
	CAACACAATT TGTATATAAT AACCTGTCTG TAAGCGGATT TAAATATACT AATGATGGTA	180
20	AGAATCCAAT TCAATTATCT GACATAGTGT ATCACTTAAT CGCATTATTA CGATATGGCG	240
	GTGGCATTAG CTATCAATTA TTAGATGACC ATTCAAATTA TATTTCTTGG TACAACAAAT	300
	ATGGTAGCCC CCTACCATTA ATGCATTAT ATAAAATGTT TAGACCTTTT GTTAATGAAG	360
25	ATATTGAAAT TACAAATAAT TATGTATTGA GTCGTAAAGA TAATAACTAC CATTTCCTTAT	420
	TATTCAATAA AATTAATGAT CGATATATGT CAGACGTAAA ACAAGATTTT ATTTTCCATA	480
30	ATGAATTACC TCAAGACTCT TTGATGATTA TTAAACATT GAATCATGAA CATGGTTCAA	540
	TTCAACATTT GCTTCCAATA AGCGATCAAC TTGTTTATAT AGAAAAAGAA ATTTTAGATG	600
	AATTAGACAA AACGAATTAC CCTAAAACGG AGCTTGCACT TCAAGAAGAA ACTGGTCGTA	660
35	CATTTGAACT CAAGTTAAAT CACGACGAGG TTAAATATAT TTGCTTTAAA CCAAGCTAAA	720
	TACTAACAGT CCTCTTGTGT TTAGTTTCTT ACGTTAAAGG CTATTTATAT CATAAGGAGA	780
	TGATTTGTAA TGAGTAACTC ACAAGCAATT CAAGCAATTG AAAACGTGTT AGTAACGTCA	840
40	AAAGTTGGTG TATTATCAAC TGCATATAAT AATAAACCCTA ATAGTAGATA TATGGTCTTT	900
	TATAATGATG GTCTTACTTT ATATACTAAA ACGAATATCC ATTCTGCTAA GGTCAAAGAA	960
45	ATTAAAGATA ATCCAGCAGC ATATGTTTTG TTAGGCTATA ACGACACAAC TAATCGTAGT	1020
	TTCGTTGAGA TGGAAGCGAC AATCGAAATC GTTACAGAAC AAGAAGTGAT TGATTGGCTA	1080
	TGGGAAACAC AAGACAAAAG CTTTTTCAGT TCAAAGAAG ACCCAGAGTT ATGTGTTTTA	1140
50	AGAGTAGTTC CGCAATCCAT TAAGCTAATG AATGATAAAT CATTAGATAC ACCTATCAAA	1200
	ATCGATTTAT AACACAAAGT GTATATAGGA AATAACTTTT ATGAATTCTA GATATAACAA	1260
55	TGTTAAATAC TTAAATAAC TCGCTATAAT TAAAGTGTTT AATATGTTTA CAATTCAATT	1320

TTTAAATTAA TTTTATGTAA TATAAATACT GCATTTGCAA ACTGTTGCAC TTTTAGGTAT 1440  
AACAGAATTA ACTACATTTA AGGAGATTGA TGAACCATGA AAAAGAAAAA AGGTTTTGGT 1500  
5 CTTGGTATTA GTTTAATCGC CATCATGTTA ATTGTATGTA TTGTATTAGT AATCATGATG 1560  
ATGACTGGCG GAAAGAAAGA TACATACTAT GGAATTATGA AAGATAATAC TACTATTGAA 1620  
10 AAAATGATTA GTGAAAAAGA TGAAAGTATT GAAAAAATG TTAAATTACC TTCAGATTCA 1680  
GATGTTAAAG TAAAAAAGG TGATTTTGTA ATTGTTTATA AATTAGCAGA TTCAGATAAA 1740  
ATTGTTAAAG TAAAAAAGT TGACCATGAC GATGTACCAC ATGGTTTAAT GATGAAAATT 1800  
15 CATGACATGG GCAAATGCA CATGAAACAC TAATTGTAAT TTAAATTACA AATTTTAGTT 1860  
GCCATCAAGG TATATACGAG TAAAGCAGC GGTAAGTTGA TTTCCAATTT GGAATCATT 1920  
TACTGCTGCT TTTTATATTT GAAATACTTT CATATTGAAT AGCTCCACTT GCCGTTGCGC 1980  
20 TgcgCTTTGC GCATGCATAA AAGCCCCCTAA CAACCTGAGG TCACTGCGCT CCGGTTGCGC 2040  
TGcgCTTTAG CGCATGCATA AAAGCCCCCTA ACAACCTGAG GTCACTACGC TTCGGTTGCG 2100  
CTGCGCTTTA GCGCATGCAT AAAAGTCCCT AACCACTGA GGTCACTACG CTTCCGTTG 2160  
25 CCTGCGCTTT AnCATGGCCA TAAAGC 2187

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 330:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1788 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 330:

CCnCTTTTT AAACCTGGnG AAATGtmCAG tTTTGATGGt ATTGGGtTCT TTAGTATTAT 60  
40 GCTTAAGATA GAGTGTAATA CGCTCCTGTT GTTCTTTATA GTATATTGCT TTTTGTTTTT 120  
CTTTTTGCTC ATATTTCACT TTAAATAAA TGACTGATGC AACTATACAT ATACATAAAA 180  
45 TGACACCAAT AATTATAAAA ACATGTTTTT TGTTCAATTA AGTAACTCCT AAAATGTGGT 240  
GGAAATGAA AAAATTTTAA TAATCTATAA TTATGAACAT TACAGATTAT AAACCATAAC 300  
ACTAACATCG TCGCCTTCAT TAACTTGATT GTTAAATCA GCAATTACTG AGAATTGTAC 360  
50 AAGGAATAAT TGCCTATTAT GCCCTCATGT AATTATTGCC TTAATAACAT TAACAAAATC 420  
GATAGCTATT ACATTAAATG CCTATACCCC AGACCTCAAA CACCTTTTAA TACAGGACGC 480  
55 ACTGTAATTT CATyyACGTT AACGTGCTTT GGTGTGTGTA ATGCATATAA TACTGCTTCT 540

GTATCTACCA TTCCTGGAGA AATGCTTGTT ACTTTAACGC CTGTCTTTGC CAACTCTTTT 660  
 TCTAATCCTT GAGTAATAGT GTGAACTGCT GCTTTCGTCG CACTATAAAT CGTACTACTT 720  
 5 TTCGTTACTT CAAAGCCAGA AATAGATGcA ATGTTAATAA GATGGCCACT TGATTGTTCT 780  
 AACATAGTTG GTAATGCAGC CTGTGCCGTA TATAAAGTGC CTTTGATATT CACATCAATC 840  
 10 ATACTATCCC ACTCATCTAC TTGATAATCA GTAATCTTAG ACGACAACAT TTGCCCCGCA 900  
 CTATTGATAA CAATATCCAA ACCACCGAAT GTTTGTTGTG CAATTTTTAT CAATTCATCG 960  
 ACTTCTTCTT TATTCGTTAC ATCTGTTGGC ACTACCTTCA CACTATCTTG TGACAATTGA 1020  
 15 TTCGCTACGT TTTGTAATTT TTCTTTATTT CTACCTGCTA AGACAACCTT TGCCCCCTTCT 1080  
 TCATGTAGTA ATGTTGCAAT TGCTTCTCCA ATACCACTAC CTGCACCTGT AACTACTGCT 1140  
 ACTTTATCTG TTAATACTGT CATAATGATC GACTCCTTTC ATTCTTTTTA TTTTTTCAGG 1200  
 20 GTAAATCATA AATACATATT ACTTTTAAAA AGCGTATCAC AATTCATATA ACGGTCATAA 1260  
 TAACTCGCTT CATTTTCATA GATAAATTAC ATTACAAGCC ATTCGAAACA TACAATTAAT 1320  
 CGTTGCTTAT ATTTTTTATT TTTAAAAATG TTGAAAAATC GTCACCTTCTT TATTGTAAAA 1380  
 25 ACATTATATT AGTAATAAAG TTAATACTGT GnATTTaTCA TTCGATTGAA TGATTAGAGG 1440  
 GAGGAATAAA ACgTGACATA TCATGAGCGT GTTTTAGCAT TAAGAGCAGA AAGTAAAAGA 1500  
 30 ACCGCATTTG ATTTTCGATT CGAAGATTTA TTTAGCAAAG AAGAATGGcT AAGTATGTCT 1560  
 CTTGCAGAAA GACAAAAAGC TGAAAAAGCA TTTGACACG AgTTAAAAAT ATGGACGATG 1620  
 TAAGAATGCC CTTCTCAAGT GTCCATGACG CCCAAGTAAA ATTATATAAT GTTGATATATT 1680  
 35 CTTATAACGG CaTTAAACGT AATTTTAAAC AAGTTGAAAA TGAAGGATT CTAATATCAT 1740  
 TTCGTTTATA TATnGCAGAC CATGGATAGA ATTTTnTATG GTnAATCC 1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 331:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1341 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 331:

50 TAAGCCAAAT CCATTGTTAC CAGAAGAAGT TCGCTTCATC TTAAAACAAA TGGGTCTTAA 60  
 AGAAAAGACT ATCGATGTTG AACTCGAAGT TGGCGAGCAA GTTCGTATTA AATCAGGTCC 120  
 55 ATTTGCGAAT CAAGTTGGTG AAGTTCAAGA AATTGAAACA GaTAAGTTTA AGCTAACAGT 180

GCTTTAATTA ACAATTAAAG TTATTAACT AACCAAAAGA TAAAAAGAG TATTGATTTT 300  
 TTAATTAGAA AAGTGTTAAA ATTATGTGGT cGcGCTTTTA GAGCGCCCAT TTCGTcACGA 360  
 5 AATGTTAAGA GTGGGAGGGC AAAACTGAGC CCTGTGACCA CATCACGATA TCAAGGAGGT 420  
 GCACATCGTG GCTAAAAAAG TAGATAAAGT TGTTAAATTA CAAATTCCTG CAGGTAAAGC 480  
 GAATCCAGCA CCACCAGTTG GTCCAGCATT AGGTCAAGCA GGTGTGAACA TCATGGGATT 540  
 10 CTGTAAAGAG TTCAATGCAC GTACTCAAGA TCAAGCAGGT TTAATTATTC CGGTAGAAAT 600  
 CAGTGTTTAT GAAGATCGTT CATTTACATT TATTACaAAA ACTCCACCGG CTCCaGTATT 660  
 15 ACTTAAAAAA GCAGCTGGTA TTGAAAAAGG TTCAGCGCAA CCAACAAAA CTAAAGTTGC 720  
 TACAGTAACT AAAGATCAAG TACGCGAAAT TGCTAACAGC AAAATGCAAG ACTTAAACGC 780  
 TGCTGACGAA GAAGCAGCTA TGCGTATTAT CGAAGTACT GCACGTAGTA TGGGTATCGT 840  
 20 TGTAGAATAA TTTTACGAAT ATTAAATTTG ATTACATGAT TTAAACGATG AAGCAGATAA 900  
 CAGAGATAAT AATGATGAAT TATAAATATA ATCTGAATGA CTAGATTAAT GATTGATTTA 960  
 TTCATAAGAT TAATCTTCT GTTGTCTGcy CTTAACTTGC ATATAGCAAG TAATGTGGGA 1020  
 25 GGAAATTCGG CTAAAACCAC TAAAGGAGGA ACTATAAATG GCTAAAAAAG GTAAAAAGTA 1080  
 TCAAGAAGCA GCTAGTAAAG TTGACCGTAC TCAGCACTAC AGTGTGAAG AAGCAATTAA 1140  
 ATTAGCTAAA GAAACAAGCA TTGCTAACTT TGACGCTTCT GTTGAAGTTG CATTCCGTTT 1200  
 30 AGGAATTGAT ACACGTAAAA ATGACCAACA AATCCGTGGT GCAGTTGTAT TACCAAACGG 1260  
 AACTGGTAAA TCACAAAGTG TATTAGTATT CGCTAAAGGT GACAAAATTG CTGAAGCTGA 1320  
 35 AGCAGCAGGT GCTGACTATG T 1341

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 332:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5136 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 332:

CTCTAAATCT TCAATAGGTA ACTTCATTTT AATAATCCC ATTTGAACAA TTGCTTCTTC 60  
 50 ATCATTGACA ATTTCTAAAA CTTCAACCCTT TTGACCGTAA GAKAATACTT TKAATTCATC 120  
 ACCAGCAACA ATTTTATCGT ATTTTGTGCTT TTGTACATTT TGCTTTATAG ATTTGCGCTTC 180  
 55 ATAATGATCA TCTAATCGTT TCTTCTTATC AATCAATTCA TGTTCTTTAA CATCTGCACC 240



	CTTAATCTTC TGATTGCTT TKTCTTTTCG	TTCTCTATT AGAGACTTTT CATAATTTTG	360
	GAATTGTTGA TACTGCTTAG ATAAATCATC	ATGCACTTGT CCGCKTskTT TACAAGACGG	420
5	TCCAGkTCTA ACCTCTGTGT CTCTACACGT	TTGTAATTAC GCTCTAATGA TTCAATCATT	480
	TCATTTATTT CTTTTCATC AGTACCAATC	ATCGTCTTAG CCTTATTAAT AATATTCAAA	540
	CTAAGACCTA ACTTTTTAGA AATGTCAAAA	GCATTTGAAC GACCCGGCAC ACCCATTAAT	600
10	AACTTATACG TTGGACTCAA AGTATCTACA	TCAAATTCTA CACTCGCATT CATAACGCCT	660
	TCTCGATTAT AACTATATGC TTTAAGTTCA	GGATAGTGCG TCGTTGCCAT TACTAGAGAA	720
15	CCAATTTTTTC TAACATGATC TAAAATGCTC	ATTGCTAATG CAGCACCTTC ACTCGGATCT	780
	GTACCTGCAC CTAATTCATC AAATAAACT	AACTATGTT TGTCTGCATG CTTTAAAATT	840
	TCAACTATAT TCGTCATATG AGATGAAAAA	GTTGATAATG ATTGTTCTAT TGATTGTTCA	900
20	TCTCCGATAT CGCAATATAC ATTTTAAAT	ACACTTAACT GACTACCATC AAGTGTGGGA	960
	ATCAACAATC CTGATTGAGC CATAACAATA	ATTAAACCTA ATGTTTTTAA TGTTACAGTT	1020
	TTACCACCTG TATTCGGTCC TGTAATAATT	ACCGTTTCAA TATCTTCCAT AAATTCGATG	1080
25	GTATTAGCTA CAACAGTCTC ACGATTAAAT	AATGGATGGT ATGCTTTAGG TAAATATACA	1140
	GTACGGTCCT CTTTAAATAT CGGCTTTGTT	CCTTTAATAC TTCTACTATA TCTCGCTTTT	1200
30	GCGATTAAAA AATCTAACTG ACCCATGACT	TGTTCTGCCA CAAGTAGTGC ATCTTTGTCC	1260
	GCAGCCACAT AACCAGTTAG TTGCGTTAAA	ATGCGTTCTT TTTCAATTGC TTCGTCATGA	1320
	CGTAATCGAC TAATTTGATT ATTCATTTC	ACAACCTGATG ATGGCTCAAT ATACAATGTT	1380
35	TGTCCTGAAG CAGATTGATC ATGTACAATC	CCATTAAAAT CTTGTCGATA TTCAGCTTTG	1440
	ACAGGTATAA CGTTTCTTTC ATTCCTAACT	GTTACAATAG CATCTGATAA TTTTTTCTGA	1500
	TTTGCTTGSC TTTTAAACAAT ACGGTCCAAA	TTTTGTCTAA TACGTTGATT CGTGCTAGAA	1560
40	ATTTTACTTC TAATCCCTTG CAATTCATAA	CTCGCATTAT CATATAAATC ATACGTATCG	1620
	CATGTTTCAT TTATTTGTTG AAAAAGATCA	GTTAACACAG GTAATTGATT CATCTTGTC	1680
45	TCTAATATTG GGTATTTAAC ACCTTCATCT	TCTTCAACCA ATTGATTATA AAATGTCTTG	1740
	AATTGATTTT GTACTTGAAT TAATCTTTTT	ATCAAGTTAA GCTCTGATAC ATTTAAAACG	1800
	CCGCCAATAT CAGCGCGATG AATGAATGCT	GATACTTTAG ATAAGCCACT CAAGCTTGGT	1860
50	AAACGATGCT TATTATAGAT TTGAGCAATC	TCATCCGTTT CTTCCATTG AAAACAACC	1920
	GTTTCAAAAT TAGTAGCTGG CATCATTTGA	TTGACCTTTT CCAAGCCTAA GTCACATAA	1980
55	GTTTCATTGG CAACGAGTGA TTTTATTTTT	TCAAATTCTA AGACGTCTAA TGTTTTTTGT	2040

	TCACGCGATA ATGCGTTAAT CACTCTATCT TTTGTTACAA ATCCTTTTTG CGCAGTTGtA	2160
5	CGCCATAATT CATAAAATCT AAATGATTG TATGATGCGC ATCAGTGTTA ATAGTTAATT	2220
	TCACATTTGG ATATTTACGA ACGATATCAG CGCTCAGATC CAGTCGATGT GGATTGGCAT	2280
	TAATTTCTAA TACTGTATTG GTTTCTTCAG CTAATGCCAT TAATTGTTCA ATATTCGGTT	2340
10	TATAACCATC TCTTCTACCT ATAATACGCC CTGTTGGATG CGCTATATGT CGCACGTATG	2400
	GATTGCGACA TGCATTAGCT AATCGTTCCA TAATTTGTTT TTCTGATTGG TTAAAGCTTT	2460
	GATGAATAGC TCCAATTACA TAATCAAGTT GTGCTAAAAT TTCATCATCA TAATCCAGCG	2520
15	AGCCATCAGG TAATATATCC ATTTCTGTAC CTGAATAAAT ATCAATTTCA CTATATTCTT	2580
	TATCTAAAGC CTTAATTTCT TCGTTTTGTC TTAAAAGTCT TTCTACTTGT AAGCCATTAG	2640
	CAACACGTAA ACTTTGTGAA TGATCAGTAA TTACCATGAA TTTATAACCT TTTGCGATAT	2700
20	TTGCTTCTAC CATGTCTCGA ATAGAAAACG CACCATCACT ATACGTTGTA TGCATATGAA	2760
	TATCACCATT AATATCATCT ATTGTAATGA TATTACTTAG ATCTTTATCA AATTGCTAC	2820
	CATCTTCTCG CATAGCAGGT GGTATAAAAT TCACATTAAA ATGTTTCATAT ATCTTGGCTT	2880
25	CACTATCATA TTGAATTAAT GTACCATCAG CTTGTTCAAT TCCATATTCA CTTACTTTTT	2940
	CATCACGTGC TTTAGCAAGT TGTCGAATTC TTATATTATG TTCTTTTGAC CCAGTAAAAT	3000
30	GCTGCAATGT ATGATAAAAA GCACTTGGTT CAATTAATCG AAAATCGACA CCAATCGTTT	3060
	CATCATCATA CGCTAATTCT AATGAACTT TTGTGTTCCC CACTGCAACT TCTTTTACTT	3120
	TATTGGGAAT ATTTAATAAT TGCTGCTGCA CTGCTTTTGG GTTATCGGTA CTTATTATGA	3180
35	AATCTAAATC TTTGCTCATT TCTTTAAAC GACGGAAGCT TCCTGCAGAT GAATATTGAT	3240
	CGATATAATT TAATGTATCT ATATAATCAA TGATTTCTTG ATTAAGTCTT CTCATTTGAT	3300
	CAATTGGATA TCTATCTTTC TTAGCACCAA GTTGTTCAC AGCTTCTAAT ATGTTTTGTT	3360
40	CCGTTTTCTT AGCAAATCCG CTTAATTCAC TAACTTTTCC ATTTTCACAA GCAACTTGAA	3420
	GTGACGCTTT ATCAACAATA TTCAACTCTT TATATAGCTT AGCAATTTTC TTGCTTCCAA	3480
45	GTCCTTGAAT TTTCAAAGT GGAATAAGAC CTTCCGGAAC TTCTTCCTGT AATTGCTGTA	3540
	AATACTGAGA TTCACCGGTC TCACGGTAAT CATTGATTAC TTCTGCAACA CCTTTACCAA	3600
	TGCCTTTtAA CTCCGTtACA TCAGATATTT CATCTAATGG TCGTTCATCT AATTCAAGAC	3660
50	TTTGAGCTGC TTTTCGaTAC GCTGaTATTT TAAAAGTATT TTCCCCTTTT AATTCCATAT	3720
	AAGTAGCAAT TTGTTCTAAT AGTTTGATAA CATCTTTTTT TGTCATAATA ACACTCCATA	3780
55	AAAAGAAGAC CAGGACGTAT CATTAAATATA TACCTTTGTC CTGACCTCTT ATGATAATTT	3840

TAGATATTTT AAGCTGATGT TGTAATGCTT CGTTAGGATA TAATGCCAAT AGATATAACG 3960  
 TAAAGTGTA GACAATTATC GTCATAAACA CACCAACTAT CATTCCCATT GCACGACTGA 4020  
 5 AAATATGAAT GTTTTGATAC GCTATTATTT TATCAAAAGT TACGATAATT AGATATAAAA 4080  
 TGAACCTTACA AAACAATGTA ATCATTAAAA AAGCTACAAT CGCTTCAAAT CGATTTTGTA 4140  
 10 GATGATTAAA ATGAAACGCA AAAGTTGTAT TAAATGCTGT TGTTTTAGGA TATGGAATAA 4200  
 ATACAATTAA TCTTTCTACA ATAGATTTGT AAAATTGACT GGCAATCCAC AATGATACAA 4260  
 nCGTTGCACT CAAATGTATC ATAGATAACC AAAACCTCG TCTGAATCCA ACGATGACAA 4320  
 15 AATACACAAA GAAAATGATT ATGATAAAAT CAATGACCAT TTATTGCTCA CGCTGCTGCA 4380  
 ATTTGTGAAT TTGTTGTTTC AAACGTCGAT TTTTTTCTT CTAGTAGTAC TTTTTCATGC 4440  
 ATAATATTCA CAGCAGTTAG TATTGCTTTT CTTGAAGTAT CTAAACCTGC TGCTTTATAC 4500  
 20 CCTAATTCTT TTATTTTATC ATCAACTAAA TGTGCTACAT ATCGTATGTG CTCTGGGTTA 4560  
 TCTTCCCCAA CAATTGTAAA AAGCTGATCA TTAATTGATA CATTTACCTT GTTTTAAAC 4620  
 TGTGTCATTT ATAATTCTC CTGATCCTTT TTTTAAATC TAAATTCACG TTATAAAATA 4680  
 25 TGA CTGGATA GTTGTCTGA ATTTGATACT AATATTGTTA TATTGCAATT ATGATAAAAC 4740  
 AACAACACAA TCTCTATAGA TGA CTTAATG TTCTTTTAT AATGAAATAA TGTAAGAAT 4800  
 30 TTTCTATTCA ATACTTTATC ATGTTTAAAT TGTGTCAC TAACATTTTC ATAAACATTA 4860  
 TACATGACCA CTATGTATTT TGTAAGTATC CGCAATTAAT TCTTTACAAC ATACATAAAT 4920  
 GTTTCTGACG TTATTATCAT TTATGATATG ATTATTTTGT CTAAAGACAA TGAAATTTTA 4980  
 35 TGAAAGGATT TACACAAATG GCGAATATCG TTTTAAATT GTCGGATAAA GACATAACGA 5040  
 CATTAATGTC ACGCATTTCT TTTGATACTG AGAATTTACC TCAAGGnATG AnAGCACGTG 5100  
 CAAAGTATCC AAAATACAAC TGTAATATT TACCAT 5136

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 333:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4239 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 333:

GGCCAAAATT GCACCTCCAC TTTCTTTGA ACAAATCTAT TTAAACGCA CATTCCCATT 60  
 ATGACAAAATT AAATGTGAGT nACATTTGTT TGTATTTTAA CATGACTACT AACGCAAAT 120

	GGTATCTTTC	AAAGATAAAA	TCTTAATAAT	TTCTTAGTAA	ACTCTTTTCT	CTAGATTTAT	240
	CACAAATATTA	TATAGACCTA	TTTTATTTTG	ACGTAAGTTG	CTAGTATCTT	CAAACAAAAA	300
5	ACCTTTATAA	AAATTCATAC	CTTTATGCTA	TCGCTGTAGG	CTCATTAACT	TGTTACATAT	360
	AATTCTTAAC	TATCCTTTGA	TGATTGTTTT	ATTAGATTGT	TTCGTTGATG	GATACTTTCA	420
	CGAATTTCTA	TAGTTCAATG	CTACTAAAAA	AACAGCCCAA	AACTTTAATT	TGTTTTGGAC	480
10	TGTTTTATAA	TTATGCTTGC	GATGGTGTTC	TAGTTTCTGA	AGTTTGTTCA	GCAATGTCAT	540
	ATTTAAACTC	TTTACCATCA	TGATCTACTG	TAACCTTCTT	ACCTTCAATT	TGATTACCAT	600
15	CTAATATTAA	TTCACCTAAA	TTATCTTCGA	TAGTTTTTTG	TATCGCTCTA	ATTAATGGTC	660
	TTGCACCATA	TTCTGGATCA	TATCCTTCTT	CTGCGATTTT	GTCTTTCGCT	TTATCAGTTA	720
	CAATAATATT	TATGTTTTGT	TCAGATAATC	GATTTGTAA	TTTATTAACC	ATCATTGTTA	780
20	CAATTTCTTT	TAATTCCTCT	TTTGTTAGTT	TATGGAATAC	AATGATATCA	TCTACACGGT	840
	TTAAAAATTC	TGGACGGAAT	GAATTTTTTA	ATTCTTTTAA	CATCGTTTTT	CGAATTGTTT	900
	CATAATCTTG	TCCATCACTT	GAACCACCGA	ATCCAGCAAA	TCGTTGATCT	TGTAATTCTT	960
25	GTGCCCCAAC	GTTTGATGTC	ATTATGATAA	TTGTATTTCT	GAAATCAACT	GTACGTCCTT	1020
	TTGTATCTGT	CAAATGTCCA	TCATCTAAAA	CTTGTAATAG	AATATTAAAT	ACATCTGGAT	1080
	GAGCTTTTTTC	AATTTTCATCA	AATAAAATTA	CAGAATATGG	TTTACGTCTA	ACTTTTTTCAG	1140
30	TTAATTGTCC	ACCATCATCA	TGACCAACAT	ATCCTGGAGG	AGCACCAACT	AATCGGCTCA	1200
	CTGCGTGTTC	TTCCATAAAT	TCATCTCATGT	CTACACGGAT	CATCGCATCA	TCATCGCCAA	1260
35	ACATTGATTC	AGCTAAAGCT	CTAGCTAATT	CAGTTTTTACC	AACACCAGTT	GGTCCAAGGA	1320
	AGATAAAGCT	ACCAATTGGT	CGTTTAGGAT	CTTTTAACCC	TGCACGGGCA	CGTCTAACCG	1380
	CTTTACTGAT	TGAATTAACA	GCATCTTTTT	GCCCAATAAC	TCTCTCATGT	AATGTATCTT	1440
40	CTAGACTAAG	AAGTTTTTCA	GATTCTGTTT	CATTGATTTT	AGTTAATGGG	ATACCTGTCC	1500
	ATCCTGCAAT	AACCTCAGCA	ATATCTTCTT	CTGACAATGA	AGTTGACATG	CCATTTTGTG	1560
	CATTCTTCCA	TTCATTTTTA	GCTTCTTCAT	ATTGCTTTTC	AAGTTTGTG	TGTTTATCAC	1620
45	GCAGgTTAGC	AGCATTTTCA	AACTCTTGAG	CATGTACTGC	GGCATCTTTT	TCATTTTTAA	1680
	CTTTTTCAAT	TTCTTGTTCA	ATTTCTTTTA	AATTATTAGG	TGTCGTATGA	CTCTTAAGTC	1740
	TTACTTTAGA	ACTTGCTTCA	TCAATTAAAT	CAATTGCTTT	ATCTGGTAAG	AAACGATCTG	1800
50	AAACGTATCT	GTTACTTAAT	TTAACAGCTG	CTTCAATAGC	TTCGTCTGAA	ATATTAATAC	1860
	GATGGTGTGC	TTCGTAACGA	TCTCTTAATC	CTTTTAAAAT	AGCAACTGTA	TCTACTACTG	1920

55

	TTTTGCGATA TTCATCTAAT GTAGTAGCAC CAATACATTG TAATTCACCA CGTGCTAATG	2040
	CCGGCTTCAA AATATTCGAA GCATCGATAG CACCTTCAGC ACCACCAGCA CCAACTAAAG	2100
5	TATGCAACTC ATCAATAAAT AGGATGACAT TACCTGCTTG TTGGATTCTT TCCATAACCT	2160
	TTTTCAGACG CTCTTCAAAT TCACCACGAT ATTTAGTACC TGCAACTACT GTTCCCATAT	2220
	CTAAAGACAT AACACGCTTA TCTTTTAAATG TCTCTGGTAC CTCATTATTC ACTAtGGcT	2280
10	GCGCTAAACC TTCAGCAATA GCAGTTTTAC CAACACCTGG CTCTCCAATA AGCACAGGAT	2340
	TGTTTTTCGT ACGTCTACTT AATACTTCAA TTACACGTGT AATTCTTTA TCACGTCCTA	2400
15	TAAACAGGATC TAATGTACCG TCTTTGGCAA TGACTGTAA GTCACGAGCT AAACTATCTA	2460
	AAGTTGGAGT ATTATTTGAC TTAGTAGCTT GTGCATTTTT ATTACTCATT TCAGGGTTTC	2520
	CTAAAGCTTT CACAACCTGT GCACGTGCTT TAGTAATATT TAAATCTAGA TTTGCAAAAA	2580
20	CTCTTGCTGC AACACCTTCA TTTTCACGAA TCAAGCCTAA TAAATATGT TCCGTTCCAA	2640
	CAAAATTGTG ATGTAATTTT CTAGCTTCAT CCATCGATAA TTCAATGACT TTTTtagCTC	2700
	TAGGTGTATA ATGCAATGTA CCAACATGAT CTGACCATG TCCGATTAAT TTTTCAACTT	2760
25	CTTCAATTAC TTTATCTTCA GTGATATTAA AACTTTCTAA TACTTTTGCA GCAATTCCTT	2820
	CAGGTTCTTT CATTAAACCC AATAATAGGT GTTCTGTTCC TATATTTGAA TGATTTAAAC	2880
	GAATTGCTTC TTCITGGGCA TGTGCTAATA CCGCTGTGC ACGCTCAGTT AATCTACCAA	2940
30	ATAACATAAA TAATGACCTC CTACTTTATA TGTCTCTTA GTATATCTGC TCGTTTTTCT	3000
	TTTACAGATT TGTCATCTTC TTCATCTAAT AAAAATGGTG ACTGTATAGC TACCATCAAT	3060
35	TCATTAAATT TAAAGTTTTG TAATTCAATG TAATTTAAAT CTATACCAAG TTTAACTcGC	3120
	TTAATCTATA AGAAGCCTCT TCCATAGTTA TCATTCTACA GTTTTGTAAG ATACCTAGCG	3180
	AGCGAAAAAC ACGGTCTTGT GTTTCTAATT GATTATAAGT GTCTAACTTT TGTCGTATTT	3240
40	GTTTTTCTTC ATGAATGATT TGATTAAACA CTCTGTAA TGTTCTATG ATTTCTAACT	3300
	CAGATTTACC AAGTGTAAGT TGGTTGGATA CTGATAAGT ATGTCCATAA ACTTGCGAAC	3360
	CTTCACCGTA AATACCTCTG ATTGTATATC CAAAACGATT AATGGTTTGA GCAATCCGTG	3420
45	TCATTCTTTT CATAATAGAT AGACCTGGCA AATGTAGCAT CACGCTTGCT CTCATACCAG	3480
	TACCTATATT GGTAGGACAT GTAGTTAAAT AACCAAGTTG TTCATCATAA CTTATATCAA	3540
50	GGCTTCGATC TAATTCATCA TCAATTGATG AAGCTTGATT ATATAAGCC TGTAATGTCTG	3600
	TGTCAGTTCC CATAGCTTGA ATACGAATAT GGTCTCTTC ATTTATCATG ACACTTAAAG	3660
55	ATTCATCGTC ATTCACTAAT ACTGCGGCTG CTGGTTGTTT TATTAGTTCA GGACTAATCA	3720

CAAAGTTTGG CAAGGCATCT TGTACCTCAT TTATACTCT AAATCCcATC ATTTTCAGTA 3840  
 GCATACATTA GTGGATGCAC ATGATTTTCT AAAtTACGCG CTAACCGAAT TCTAGAAGAC 3900  
 5 ATAACAATTG GTGTTTCTTC ATTACTTTTC ATCCATTGGC TGATATTATC ATGAATATTA 3960  
 TCGTCATCA TGTTCACCT CACTCTCAGC TTTTAGTGCT TTAATTTTCAT CTCTAACAAAT 4020  
 GGCTGCTTCC TCAAAATCTT GGATTTCAAT AAGTTTTTTC AAATATTCAT TCTTTTCTTC 4080  
 10 GATTTTTCGC TTAAAGCTA TCTTTTATG TGAAGAATGT GGTGTCTTTC CAACGTGCTC 4140  
 AAATGTCCA CCTTGAACTC TCGGACGAT ATCAATGATG TCATCTTTAA ATGTTGcATA 4200  
 15 ACAATTAGCA CACCCAAATT TACCAACATG TGCAATATC 4239

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 334:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1245 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 334:

CAAACCTTGG ATTATGTCGT GTCAGTTATT AATGCATACA GTAATGCATC GTTGTATTATTT 60  
 TTTATTATTT TACTATTTAT TATGTACCAA ATCAGCCTTt CAGTAAAATA GGTCAAATTA 120  
 30 CTGATTTTCT AAATATAAAA TGCCTCCTAA TAACATACTA TTAGTACATC ATTAAGAGGC 180  
 TCTTGTTGTA TTTGCATACT AAGCGCTCAA ATTTAAATTT AAGATGAAGA TTCTTGCAAT 240  
 35 AATATTTCTA TATTTGTCGA TATATCCAAT GGATCTTCCA TTGGCAAGAA TCGATTTACA 300  
 ACATTTCCCTT GTCGATCGAT TATAAATTTT GTGAAATTCC ATTTTATTGG GGaCCCAAAG 360  
 ATTCCTGGTT GTTCaTTCTT TAAATGCGtA AATAACGGAT GTTCATCGTT CCCGTTcACA 420  
 40 GATATTTTAG CTAACACTGG AAATGTTACA CCAAATTTCT CACGACTAAT TTTCAAGATT 480  
 TCTTCATTAG AACCTGGTTG TCGATTGTCA AAATTATTAT TCGGAAAACT CAACACTACA 540  
 AACCCACGAT CCTTATATTT TTGAAATAAA GTCTCTAGTT TTTTCAATTG TTCGCTATAT 600  
 45 ATACATTCTG TTGCAGTATT AACAACTAAA ATCACTTTAC CTCTAAATGC TTCTAATTTA 660  
 TAAGTTAAGC CTTTATAATC ACTTACTTCG ATATCATACA CATTTCTATT ATTCATAAGA 720  
 CACCCCTACA CAGCCTTTTT TATATTGAAT ATGTTCTTTT TAGAATGTTT TGATAAAATA 780  
 50 AGTGCGCGTT TACACCGTGA ACACACATTA TATAGCGTGA TACATTTTTC GAGCACACGA 840  
 TAAATAATGT TCGAGTTTAT GTTGTGCTC AACCTATCCG ATTTACCGTC TTTTTTCACC 900

CCGTTATAAC CCCTCATTAT AATCATCCTT ATTTTCTATT TTTAAAAAGA CAATTAGACC 1020  
 GCTCTTTAAA CTATAGaTTA ATACTTAAGk TAAACTCATA CATACTGATA CCATACGTTA 1080  
 5 GATCTAACAA TTTAAaATTC GTTATAACTA TGGATTAAAG AGCTGCCCAA CTCATATAAT 1140  
 CCTTAAAAAC TTCACATGTG ATTGTkTATT AAGCCCTCCT TTATChTATT AAATATCCTT 1200  
 10 ATAACCCTTT TAAaATTAA CTGACACACT CATAATTGT TACAC 1245

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 335:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1399 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 335:

CTTGTAAGG TAGTTGTCA TTTAAATTAA AACAGTATGC TAAGTTnGTG CTTATATTTT 60  
 GCAACTTCAA TTCGACAGGC TCATCTTGAT ACATGAATGC CTCAATTTCA TCATGTGATA 120  
 25 ACTTTTTCAA AATATCAATT AAATGrATAC TAAAAACGAT AAATAACATA TCCCAATTG 180  
 AATTCAGCCC TAGCGATTTT AATTTGTTTA AAATCTTATC TTTTGAAAA ATTGATTCC 240  
 TAATGTCTTG TATATCGTTA TCAGTCAAAG TTTCCCAATC TATATGTGAA TGAAGACCTA 300  
 30 AATAACACTT ATCCATTAAT AATTCATATA CCGTTAATGC AGAGACATCG AAACAACGTT 360  
 CTTCACTTAr AAAAACGCCA TCAACATCAA ATAAaATTTT CTTCACAATC CCCACTCCAT 420  
 35 TTCTGaAAAT TCAGaTATAA ATCATTCTAC TATTTGACTA AAAAAAGCGC AAACCCTATT 480  
 GAAGTaGATT TGCGCTTTAG CTGTThAAAT TTTATAAATG ThTTTCAATT TCATCAGCAA 540  
 CCTGCTGTAC GTGTGTACCG ACAATAACTT GAGTTGAATG TTTGCCATTA ACAGTAACAC 600  
 40 CAACTGCACC GCGTTTTTA ATCTTCTGTT TATCAATAAT AGATGTGTCT TTTAACTCTA 660  
 GACGCAACCT TGTTGCACAA TTGGTTAAAT TAACAATATT CTCTTGACCG CCTAAACCTT 720  
 CTAATATTTG TATAGCATGT TGATGATATT TACTTTGTTT AATATCATTT TCACCAGGAG 780  
 45 CAATATTATC TTTTACAAC GTTGGGTCAA CTAATTCATT TTCACCTCTA CCAATCGTAT 840  
 TCAAGTTAAA TACTTGGATT ACTACACGGA AAATCACATA GTATAAGATG AAAAATACAA 900  
 CACCTTGAAC AAGCAACATC AATGGATGAT TTGATACTGG ATTAATTAGT GATAACACAT 960  
 50 AATCTATCAA ACCTGCACTA AATGAAAATC CAGCTGTCCA ATGGAATGTA GCTGCGATAA 1020  
 ATAAAGATAA TCCTGTTAAT AACGCATGAA CAACATATAA GATTGGCACA ACAAACATAA 1080

ACCAACCGTA AACTTGTTTT TTCTGAGTAG TTTTAGCTGT ATGATACATT GcTAACGCAG 1200  
 CCGCTGGAAT ACCGAACATC ATGATTGGGA AGAATCCCGC TTGATAGCGT CCTGTAATAC 1260  
 5 CTTTTATAGC ATCTTTGCCA CTTTGAATT TACCAATATC ATTAATACCA ATCGTATCAA 1320  
 ACCAGAACAC ACTATTCACT GCATGATGTA ATCCTGTAGG AATTAATAAT CTATTGGCAA 1380  
 CACCATATAT GAAAGCTCC 1399

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 336:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1329 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 336:

TATAGTTnTA TTATTTAGCG AAGCATTAAAT ACTACCACCG GTTATAACAA ATGTATTTTG 60  
 CGTATTAAAT TGAATGGTAG GACCAATCAA AGTATATTCA ATCGCTGGAC CATCATTGTT 120  
 25 AATTAATGAC TGCGCAACCT TAAAATAAA TTGATCCATG GCACCTGCGC CTGAAAATCC 180  
 AATATGTTCA TAACCTATTC TTCCTAGATC TTGTACCGTT GAAAAGAGAC CTGGTTGTAA 240  
 AATCTTAATT GACATTTTCA ATCACCACCC AGTCATCAAC ATTAAAGTTG CCATCTGATA 300  
 30 TATCTCTTTC GATTTGTATA AATTTCTGTT CATCTATTGC ATAAAATTGT ATCCATTCTC 360  
 CTGCTTCGTA CATTGACATT GGTTCACGCT CGCTGCTAAA TACTTTTAAc GGTGTGCGTC 420  
 35 CAATAATTTG CCATCCGCCA GGAGAATCTG ATGGATATAG TCCTGTTTGA TTATTGCGAA 480  
 TACCTACAGA ACCTGCATGA ATTTTAAACC TTGGCTGATT ACGTCTAGGT GTATGTAGTT 540  
 GTTCATCAAG TcCGCCTAAG TATGGAAATC CTGGCATAAA TCCTAGCATA TATATTAAAT 600  
 40 AAGGTTTACT TGTATGTTTT TCAATAACTT GCTCAACAGT TATTCGATTA TGCTTTGCTA 660  
 CTTCTTCAAT ATCTGGTCCA TATGTACCAC CATATTGAAC AGGTATTTTA ATAATACGAT 720  
 TGGTTTGATT CACAGCATGA ACATTTTTTTT CATTAAATTT GTTAAGTTCT AAATTTTCAA 780  
 45 TTAATTTAGA AGATGTTATA GCTTGTTTCT CAAAATATAT TAGAACTGCT CGATACGAAG 840  
 GGACAAATATC TTGAATTTCT AATATTTCTT TTTCTCGTAT CCACCGTACC ATTGCTGTGA 900  
 CATTACGATA TGTCTCTTCG GATATTTTAT TTTCAAATA AATCATAATT GTCTGCTCGT 960  
 50 TAATAAATCT TACATCCACT TTAAATCCCC CTTTGTATTG CAATAAACCA GTATTGAATA 1020  
 CCTTTTCATT GTATCATTGA GAAGCACAAG TTGTTTAATA AGTAATTCAA ATCGCATATA 1080



	TTAATATTGT AACTCTTACA CTAATTTAGG TTCTGCTATC ATTCCGGTCTG ATGGAAAATT	1200
	TTTACTTTTC ATCTGTCCGA TTTTGTGATT TTGAATATAA AAAAGCACGA CCGAAGTATC	1260
5	ATTAACACAC TTCAATCGCG CAATTAAATA ATCTATTTGA TCATTTATTG GATATTAACA	1320
	ATTTTACG	1329

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 337:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 337:

20	GAATAGTGCC ATTTGGAAAG ACATAAAGAA TCCAGAAGCA CCTTTAGCGA ATATGCCCGTG	60
	TTCATATAGA TTTGTGAAAC TGGCATGCCC GAATTGAGTT TTAAATGCAA ATAGAATCAT	120
	GACGAAACCA ACTACTATTA AACCAATAAT TGTCGCTATT TTAATGATAG AGAACCAAAA	180
25	TTCTAATTCT CCGAAAAGTC TTGCGCTAAG TAGGTTGAAT GACATTAATA ACAGTACACA	240
	AAATAGTGCA CTTATCCAGT TTGGAATTTT TGGGAACCAA AAGCTAACAT ATTTTGCCAC	300
	AGCCGTTACT TCAGCCATAC CTGTAATAAT CCAACAGAAC CAGTATGTCC ATCCGGTAAC	360
30	AAATCCTGCA AAAGGCCCAA TATATGTATT GGTTACATCT GCGAAAGATT TAAATTCAGT	420
	ATTCTGTATA ATGATTTCTC CTAACCTCG CATAAACATA AATAACATA ATCTTATAAT	480
35	GATGTATGTT AATAGAATTG AAGGGCCGGT TAATGCAATC GTTTGACCAG CACCTAAGAA	540
	TAAGCCTGTA CCAATTGCAC CGCCAATTGC AATTAAATTGT ATGTGGCGAT TGCTCAGTTC	600
	CCTTTGTAAT TTTTCAGCCA TAATACATCT CCCTTAAATA TAGATATGTT TATTATGCAC	660
40	TTATATTGAG ATATATACAA TTATTTTCGG TAAAATGTG TAAAATTCCA TGTTAATATA	720
	CTTTGGTTTT TATAATCATA TATAATAACC AATTGAAAAT TTAATTCTAT TGTAATAATTC	780
	ATGGATTATT CACATCTTGA AAAAGCTTTA ATGGTGCTAT TTGTGGCTAT TCTGTGACAT	840
45	TTACATAGAT TTACAAAAAA ATTGTTGCAC ATATAATGCC AGTCTTTATA TTTCACAAAC	900
	GAAATGCGTT TACTATAATA TTAGTTGAAA GCCATTTTCAT AAAGAAACAG TAAAGGGGAA	960
50	ATTtATCaTA GcmGaATTAC AAAGAGGTTT AGAAGGGGTT ATCGcmGCGG AGACTAAAAT	1020
	AAGTTCAATT ATTGAAAGTC AATTGACTTA TGCCGGCTAT GATATTGATG ATCTAGCTGA	1080
55	AAATGCGCAA TTTGAAGAAG TTATTTTCCT ATTATGGAAC TATAGATTGC CAAACGAAGA	1140

	TACACATTTT	GAGGAGTATG	TTACAGATCA	CGTGCATCCA	ATGACAGCAT	TACGTACGTC	1260
	ATTATCATAT	ATTGCACATT	TCGATCCTGA	TGCTGAAAT	GAATCAGATG	AAAATCGTTA	1320
5	TGAAAGAGCA	ATGCGTATAC	AGGCTAAAGT	AGCATCATT	GTTACAGCGT	TTGCTCGAGT	1380
	AAGACAAGAT	AAAGAACCAC	TTAAGCCTAA	TCCTGACTTA	AGTTATGCGG	CAAACCTCCT	1440
	ATATATGTTA	CGTGGGGAAT	TACCAACAGA	TATAGAAGTA	GAAGCCTTCA	ATAAAGCACT	1500
10	TATTTTACAC	GCTGATCATG	AGTTGAACGC	ATCTGCATTT	ACGGCACGTT	GTGCGGTATC	1560
	ATCATTGTCA	GATATGTACT	CAGGTATTGT	AGCAGCCGTA	GtTCTCTGAA	AGGGCCATTA	1620
	CATGGTGGTG	CAAACGAACA	AGTTATGACG	ATGTTATCTG	aGATTGGGTC	AaTTGAAAAT	1680
15	GTTGATGCTT	ACTTAGATGA	AAAATTTGCT	AATAAAGrTA	AAGTAATGGG	cTTCCGGTCAT	1740
	CGTGTATATA	AAGATGGTGm	tCCTAGaGCG	AAaTATTTaA	GaGAAaTGAG	CCGTCAAaTT	1800
20	mCGAAAGACG	CTGGTCGTGA	AGAATTATTT	GAAaTGTCAG	TGAAaTGGA	AAAmCGTATG	1860
	GCAGAAGAAA	AAGGATTAAT	TCCTAATGTT	GATTTTATA	GTGCGAGTGT	TTATCACTGT	1920
	ATGGAATAC	CTCATGACTT	ATTCACGCCA	ATCTTTGCTG	TAAGTCGTTc	TGCAGGATGG	1980
25	ATTGCTCATA	TTTTAGAACA	ATATAAAGAT	AATAGAATTA	TGCGTCCTAG	AGCGAAATAT	2040
	ATTGGCGAAA	CGAATCGTAA	GTATATCCCG	CTTGrAGaAA	GAAAmTAATC	AATACAAATT	2100
	AAAAATGAAG	ATGTAAAATT	TGGAGGTAAA	ATAACTATGA	CTGCAGAAAA	AATTACTCAA	2160
30	GGAACTGAAG	GATTAAACGT	ACCTAATGAA	CCAATTATCC	CATTTATTAT	CGGTGATGGA	2220
	ATTGGACCGG	ATATTTGGAA	GGCAGCAAGC	CGAGTTATAG	ATGCTGCTGT	TGAGAAAsCC	2280
35	TATAATGGCG	AAAAACGCaT	TGAATGGAAA	GAAGTGCTAG	CTGGCCAAAA	AGCATTTGAT	2340
	ACAACTGGTG	AATGGTTACC	TCAAGAAACA	CTTGATACAA	TTAAAGAATA	TTTAATTGCT	2400
	GTTAAAGGAC	CTTTAACAAc	ACCAATTGGT	GGTGGTATTA	GATCATTAAA	TGTGGCTTTA	2460
40	CGCCAAGAAT	TAGATTTATT	TACTTGCTTA	AGACCGGTAC	GTTGGTTTAA	AGGAGTACCA	2520
	TCACCTGTTA	AACGTCCACA	AGATGTTGAT	ATGGTTATTT	TCCGTGAAAA	TACTGAAGAC	2580
	ATTTATGCTG	GTATTGAATT	TAAAGAAGGT	ACAACAGAAG	TTAAAAAGGT	AATTGACTTC	2640
45	TTACAAAACG	AAATGGGTGC	GACAAACATT	CGATTCCCAG	AAACTTCAGG	TATTGGTATT	2700
	AAACCAGTTT	CTAAAGAAGG	AACTGAGCGA	TTAGTTAGAG	CAGCTATACA	ATATGCTATC	2760
50	GATAATAACC	GTAAATCAGT	TACTTTAGTT	CATAAAGGTA	ATATTATGAA	ATTTACAGAA	2820
	GGCTCATTTA	AGCAGTGGGG	TTACGATTTA	GCATTATCTG	AATTTGGTGA	TCAAGTATTC	2880
	ACTTGGCAAC	AATATGACGA	AATTGTTGAA	AATGAAGGCA	GAGATGCTGC	TAATGCTGCT	2940

55

## EP 0 786 519 A2

TTACAACAAA TTTTAACTCG TCCAGCTGAG CATGATGTTG TAGCAACTAT GAACTTGAAT 3060  
 GGTGACTATA TTTGAGATGC TTTAGCTGCA CAAGTTGGTG GTATTGGTAT TGCGCCAGGT 3120  
 5 GCAAACATTA ATTATGAAAC AGGTCATGCT ATTTTGAAG CAACACATGG TACAGCTCCA 3180  
 AAATATGCAG GTTTAAATAA AGTGAATCCA TCTTCAGTAA TTTTAAGTTC TGTATTAATG 3240  
 TTAGAACATT TAGGATGGCA AGAAGCGGCA GATAAGATTA CAGATTCAAT TGAAGATACA 3300  
 10 ATTGCTTCAA AAGTTGTTAC TTATGACTTT GCCCGTTTAA TGGaTGGtGC TGAAGAAGTT 3360  
 TCTACATCAG CATTTCAGA TGAATGATT GnaAATTTAA AATAAGCAGA ATAGAATTAG 3420  
 15 G 3421

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 338:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3173 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 338:

CCCTnGATAC CCAAACCTGCC CTAATACCAC TGGCTAAACC TAATGGATAG TACCATTAT 60  
 TTTCCAATAA ATAAaCCAAC TGCAATnGCT ATaACTCTAA ATATAATAGA GATAATCmCA 120  
 30 TTAATTGGAT TAAtACGCCA AATACTAGTA ATAATAGGCT AGATAATAAT CCACCTAAAA 180  
 AGTACTTTTT AATTCCAAAG AAAGCTAATA TCAATAATGC TGCCGGTGCA GATAATTGAA 240  
 35 AATCTAATCC TGGTATAATG GACGGTATTT TCAAACTGC CAAAATGGTT AAAATCGCAG 300  
 CAATGACACT AATTTGAGTA ATATCTTTTG ATGTCATACT AAAACCCCTA TACCGTTTCA 360  
 TAAACAACCT GCTTCGGTGT GCTTTCTAAA AATGATATGT AATGATTTAA ATCAATACAA 420  
 40 TCGTCCACAA ATATTATTCT GCCTCCATAT CTCGTATTAA CTGGTTTAAT ATCAAATAAT 480  
 CGATGGTAAC CAATTTTAGC AGCGGCAAAA TAACCTGTCG TATACGTAA GTCATCGGAC 540  
 ACGCAAAGTT CTCCTTTGAC ATACGGATGC GCATTGATAC AACTAGCAAT TGCTAAGGCA 600  
 45 TCAGTCACTC TTTCATTAAG ATCACCTTTA TTATTTATAT CTTCAAACGA AAAATGTGTT 660  
 GCCCTAATCC CCCTTTGTCC AAATGAATCT AAACGTTTAC CAGATATAGC AGATAGAATA 720  
 ATAGCTCCTG TATAAACCGT TTCATTTTAA ATATATGTCA TCCCTTGATT TAGCGCTTGT 780  
 50 TCAGTGACAC CACATTCTTG TGTAAATGT TGGAGATTG CTTTATCATC CTCAATAATT 840  
 TGTAATGCTT TTATTTGTTG AATCGGTTCC ATGATTTTTT GTATTTTTAT ATTGAGAAAA 900

	ATTTTGTC	AACTCACA	AACTCGTTTC	AGCACA	CTTATG	AACTGCTAG	1020
	CGCATTTT	TACTATAC	ATGACGATC	ACC	TCAATCTTCT	TGATGCAAAA	1080
5	CCTATCTATA	TCTTGTTT	CAG	TATGAAAATA	CGACAATGAT	ATTCTTAACA	1140
	CACAGTtGGA	TACCTTAAAT	AACTTGTA	AA	CACATGATGC	TTTAATAATG	1200
	GTTCTCAGCC	GCTTCTATGT	CATCAA	AACTC	AATAAACTTA	ATCGGCGAGT	1260
10	ATAATkaACA	TTGAGTGCTT	TTAACTTTT	TG	GTAAAAATAT	TTACTCAAAC	1320
	AGTGCGTCTA	TCATCAGCAT	TTATTAACTT	TT	CAATGTTT	CTTTTATAA	1380
	ATAAATTGGC	AACTACTT	TG	AGTAGATGAG	TGGTCTACCG	TGATTAATTA	1440
15	CaCATCaTTT	GaACTkaAAA	TcACACCCCC	GTATGCACCA	CATGCTTTAG	ATAAACTAGA	1500
	AGTGAGTATA	TCTACACCTT	GATAATTCGA	GTAAtTCTCT	ATtCCAAAC	TATGTGAAAC	1560
20	ATCGAGTATC	AGTGTGCGT	TAnATTTATG	CTTTAATGAG	ACTAATTGAC	CAATATCCAC	1620
	AACGTCGCCA	TTCGTTGAAA	ATACACTATC	AGATATGATT	ATTTTTGGTA	TATTTTGATT	1680
	AGGGTATTTT	TCTAACCTTT	TTTCTAAATC	AGCAATATCT	AAATGCTTAT	ATATCACTTT	1740
25	TTCTAAACCA	CTTAACCTAA	TACCGTCAAT	AATACTCGCA	TGATTTTCTT	GATCTGAAAA	1800
	CACGACACAA	TTTGATTTTT	TGAAAATATT	AAATAACGCC	AAATTAGCAT	CATAACCACT	1860
	ATTTAAGATA	GTACATGcAC	TATATCCGAG	CCAACCTGCT	AACATTGTTT	CAATTTCTTC	1920
30	ATAAGCTGTC	GAACCTCCAC	TAATTAATCT	TGAACCTGAT	AAGTGATAAC	TATACTCCG	1980
	CATAAATCTT	TCGAAATCAT	CCTTATCAAA	CGCTATTTGA	CCTAATCCTA	AATAATCATT	2040
	AGATGTATAG	TTCTGATATC	TCTTATTTTC	TACTTCAATA	TACTGTCTAT	CTATATACCC	2100
35	TACCGATTTA	AGCGACCGAT	ATAACCTTT	CTGTTGTAAT	AAATCAATTT	GCTCTTGAAA	2160
	CTTCATTCTT	GTTTTCTTA	TTTTCACAA	G	TGTCATAATC	AATTTCAAAG	2220
40	TAATCATATC	GTAGTCTAAT	TGGTTCGGTT	GCCCCACAGT	AATTAGATAA	TncACCGACA	2280
	AATATTGAAT	TCGCCGCTTT	TAATGCTAAT	GGCTGTAACG	AACGTAAGTT	GACCTCTCTT	2340
	CCTCCAGCAA	TACGAATTTT	TTTCGTAGGA	TTGATTAATC	GGAATAATGC	TACGATTCTT	2400
45	AAACATTTCA	TTGGTGTTAA	ATCATCCATG	CTTCCAAACT	TTGTGCCTTT	GATTGGATGC	2460
	AAAAAATTAA	TCGGAATACT	GTCGGCATCC	ATTTCTTTTA	AAGCAAATGC	CATATCAACA	2520
	ATATCTTGAT	TAGATTCTCC	CATACCACAA	ATCACGCCAG	AACATGGTGA	TATATTATTC	2580
50	GCTTTCATTA	GTTCTATCGT	ATCTGTTCTA	TCTTTATAAC	TATGCGTTGT	CACGACGTTA	2640
	TCATGGTAAT	TTTCACTTGT	ATTAATATTG	TGGTTATATC	TGTCTACACC	AGCTGACTTA	2700

55

TGTGAGATT TAATCGTTCT TACAGTATTA CTAATATGAT CAACTTCTTT ATCGCTCGGT 2820  
 CCTCTACCAC TCATAACAAT ACAATATGTT CCAATATGAT TATCATGTGC CACCTTTGCT 2880  
 5 CCATCGATAA TTTGTTCTCTC TGGAAATTAAA GCATATCGCT GTTTTGTGTT AATATCTCGT 2940  
 GATTGTCCAC AGTACCCACA ATTTTCAGGA CATATACCAC TTTTAGCATT TAAAATCATG 3000  
 TTTAATTTTA CTTTTTTACC AAAATAATGT TTTCTTAAAA TGTACGCCTC ATTTAATAAA 3060  
 10 TCTAAGGTAT CAATATTAGT ATCCTCATAA ATTTTCAATA CAGTCTCTTT TGTtAATTGT 3120  
 tCCCCTTGTA ATATGCGTTT AGCCAAATTC ATATTAACAC TTCCTATCTA AAA 3173

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 339:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1694 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 339:

25 CGATTATCCA TTAATACAAC CCTAAGTAAA TGTATAAAAA TTATCTTCCA CAAACTTCAA 60  
 CAAAAGCCTA AATAAATTAC AGCAATTTAT CAAATATTGC TTACTTTGAT TTTATGAAAT 120  
 nACTTAATTC TAACACATAC TAAATCATCA TATACTAATT CGAAATCAAA TGCATTTAGA 180  
 30 GATAATCaAA ATGCGGAAAC ATCTCCaATA ATCAATAATC TATTCCCAAT AAATATGAAT 240  
 GTTCTCAACA ATACATTATT TATATCTCTT TACACTGTCA TCGACAAAAA CTAAATCTTT 300  
 35 CACTTTCAAT TTCGAACGTG GTTCTACGAC ATTTGCTGCT ATATCATTTA ATGGGATTAA 360  
 AACAAATGCA CGTTCATTCA TTCTCGGATG TGGCACCGAC AGTTTTGGTA AATCTATCAT 420  
 TTCTTCTCCA TACAACAAAA TATCCACATC TAAAGTTCTA GGACCCCATC GTTCCTTTCT 480  
 40 AATACGGTGT AAACATTCTT CTGTCKTCAA ACAACATTCC AACAGTTGTA ATACTGTGAG 540  
 TGTTGTTTsA ATTTCAACAC ACAAATTTAA AAAGTTAGGT TGCTCAGTAT ACCCAACTGG 600  
 TGCTGTTTCA TAAATCGGAG AAATAtTAGA TACGTTAATA CCATCATATT CATTCaAAAT 660  
 45 CTTyATAGCA TCGTTTAACT GGCTTTCTCT ATCACCAaTa TTACTACCTA AycCTAAGTA 720  
 TGCTTGAATC ATyTATTCTC CCTCACTATT TCGATACCTA CTCCATCATA ATGACCCGGA 780  
 ATCGGTGGGT TTTCTTTAGT GATTCTCACT TTCGTTTCCA TTACACGATT ATATTGTGAA 840  
 50 TTTATAcGAT TTGCAATACG TTCAGCTAGA TGCTCAAGTA AATTAAACGGC CTTACCTTCC 900  
 ATAATTGATT TAACCTCTTc GAACACTTCA CCATAATGAA CTGTATCAAT AACATTATCA 960

EP 0 786 519 A2

	ATTTTCATTTT CAGCTGATAA AGCACCATGA TATCCATAAA AGCGCATACC TTTAAGAAAAG	1080
	ATTGTGTCTT GCATTTTTCAT TCTCCTTTAA AAAATCTATA CCTTTAGCTA ATTTAGCATT	1140
5	CAACTCGACA TTATGAACGC GTACTGCTCT AACGCCTTTC ATAATACCAT ATGCAGTCGT	1200
	AGCTGCAGTT ACTTCATCTC TTTCAACCGG TGTGTATCA TAACCCATCA TCTCTTTAGT	1260
	GAAACGTTTC CGGCTTGTCG CTAATAAAAC TGGATATTCT GTTGCAACAA GTTCATCCAG	1320
10	TCTTGCCATA ACTTCGGCTT CTTCAATTTCT AGTTTTAGCG AAACCTATAC CTGGATCTAG	1380
	CCAAATTTTA TTTGAAGGTA TACCAGCTAT TTTAGCTTGA TGTGCTTGTG CTAACAAAGA	1440
	TGTTAACATT TCTTCGACAA CCGGTTTCATC ACGATTACCA TTTCCATTAT GCATTAAAAT	1500
15	AATTTCCGCG TCATATTTAG CTACAATTTG GAACATACGA TGATCATACA GACCgCCcAT	1560
	tGATCATTA TCAATATCAAC GGCTAATTTT AAACATGCTT CAGCAACCTC ACTTCGAAAT	1620
20	GTATCGACTG AAATTTTTTA CATCAAAACC GACAATAGCT TCAACAACAG TAATACTCTG	1680
	TTCCATCTCT TCTG	1694

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 340:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1358 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 340:

35	AGCATTTCTT TTCTATAAAC ATTTAATTGA ACATTATTAA GTACACTATT ACTATAGTCA	60
	CTATATTGAA CaCATACCTC ATTTAATTCT AATAGCGGT CAGATTGTA CTTATTATCA	120
	TTATTTGCAG ATGTTTCATC TATCCATTTT TTCACTTTAA ATTTAACATG TTCACTCATA	180
40	CAAACGTCAC GTAAATTCGC TAAGTTATCA ATGGATTGGA CATCTACTTC TGCATATTTA	240
	AGCGCTGTAC AGTATAATGG TTCACGTATG CCTGCTTCTT TAAGCTTAGA TGATTTTAGC	300
	AAATCACTAG GCGTTGTATT AGCGATGATT TTTCCATCTT TAAAAAGAAG AACTCTATCA	360
45	AACGTATCAT CTAATGATTC TTCTAATCGA TGTTGACAA TAATCATCGT TGACTTTGTT	420
	TCTTCATGAA TATTGTTTAA CAATCTCAGC GTTTCATGTC CTGTGCGAGG ATCTAAATTG	480
	GCCAGTGGCT CATCCAATAT TAAAATAGGC GTACGATGGA TTAATATACC ACCTAATGAA	540
50	ACGCGTTGTT TTTGACCTCC AGATAAATCT TGCGGTGCGT GATTTAAATG TTCTATCATG	600
	CCAACTTTTT CAGCCCAATA ACTTACATTT TTCTTCATAT CATCTTGTTT AACACAATTA	660

	TCTTGTA AAA CTGTACCAAC AACATTAGAT CTATCATGTA AACAACTAAC GGTGTCATCT	780
	TGATTATTTA TATATAGTTC CCCAGTTATG TTACCTTTAG TTTTAAATGG AATTAATCCG	840
5	TTTATGCAAT TTGCAAAAGT CGATTTACCA CTACCCGAAG CACCAACTAC TAATACTTTT	900
	TCTCCTGGAT AAATATCAAC ATTTATATTC TGTAATGTAG GTGTTGCTTG ACTATGATAT	960
	TGAAAACATA AGTCTTTGAA CGAGATAATT GGTTCAGTCA TGATATATCA TTACCTTTCT	1020
10	ATATTCAATT ACATATCTGA TTCAACAAAA TAACTATTCC TTACGTAAAC TACCTTTTTT	1080
	AATTTGAGAT GAAGCATATG CTTTAAATAA TATTGTCCCA ATAATGCCAA CTGAAATAAT	1140
15	ATTTAATACT GCAGAGATAA CACCTTGTGT ATAAACCTTG TTAGCTGGTT CGTTATAAAT	1200
	CAAAATATCT AATGTTGGTG CAATAAGTGC CCAGCAAATA ATATTGCGAA TAATTTGACC	1260
	GATATTAAAA TAAACCATCG ATTTCTTAGA AAATCGGCCT GAAGAAAGAT TTAATTTTAG	1320
20	TCCAATCCAG CCATATAAAC AGCCTATAAT TCCCAGAC	1358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 341:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 341:

	TAGAAGAATT GGAGAAAATG CTAATTCAAT TGTCACATT CCATAGTTAT CATGATTTAG	60
	AGTTTCTATT TGTGACACGT GAAGATGAAG TTGAAACATT GAAATGGGCA CGTTGGTTGC	120
35	CACATATGAC ATTGAGAGG CAAAACATTA GAGGATTTGT TTACAATCAA CGAACGCGTG	180
	ACCAAATTTT AACGTCAATT TATAGCATGA TTAAAGAACG TATCCAAGCT GTGCTGAACG	240
40	CAGCAGAAGT AATGAGCAA TTATTTTCAC ACCGCAATTA GTGTTTGTC TACAGATAT	300
	GTCATTAATT ATTGATCATG TCATTTTAGA ATATGTAAAC CAAGATTTAT CAGAATATGG	360
	TATTTCAATTA ATCTTTGTG AAGATGtGAT TGaAAGTTTG CCAGACCATG TAGATACCAT	420
45	TATTGATATC AAGTCTCGTA CTGAAGGCGA ACTGATTACG AAAGAAAAAG AATTAGTTCA	480
	ATTGAAATTT ACACCTGAAA ATATTGrTAA CGTCGATAAA GAATATATCG CGCGACGTTT	540
	GGCGAATTTG ATACACGTCG AACATTTGAA AAATGCAATT CCTGATAGTA TTACATTTTT	600
50	AGAGATGTAT AACGTGAAAG AAGTAGATCA GCTTGATGTG GTTAATCGAT GGAGACAAAA	660
	CGAAACATAC AAAACGATGG CAGTACCTTT AGGTGTAAGA GGTAAAGATG ATATTTTATC	720

	AGGGAAATCT GAGATTATCC AATCATACAT TTTATCTTTA GCTATTAATT TTCACCCTCA	840
	TGAAGTTGCA TTCCTATTGA TTGACTATAA AGGTGGGGGT ATGGCGAACT TATTTAAAGA	900
5	TTTAGTCCAT TTAGTTGGTA CGATTACAAA CTTAGATGGC GATGAAGCGA TCGTGCCTT	960
	AACATCAATC AAAGCCGAAT TGAGAAAACG TCAACGTTTA TTCGAGAGC ATGATGTTAA	1020
	CCATATTAAT CAATACCATA AGTTATTTAA AGAAGGTATT GCGACAGAAC CAATGCCACA	1080
10	TTTATTCATT ATTTCCGATG AGTTTGCCGA ATTAAAATCA GAACAACCTG ATTTTATGAA	1140
	AGAACTTGTA TCAACGGCAC GTATTGGACG TTCGTTAGGT ATTCATTTAA TACTTGCGAC	1200
	ACAAAAACCA TCGGGTGTG TTGaTGACCA AATTTGGTCT AACTCTAAAT TTAAGTTGGC	1260
15	ATTAAAAGTA CAAGATAGAC AAGACAGTAA TGAAATTTTA AAAACACCAG ATGCAGCAGA	1320
	CATTACmTTA CcAggTCGTG CGTATTTACA AGTTGGTAaT AATGAmATTT ATGAATTATt	1380
20	CCAATCTGCA TGGAGTGGTG CAACATATGA CATCGAAGGC GATAAATTAG AAGTTGAAGA	1440
	TAAGACGATT TACATGATTA ATGACTATGG TCAACTTCAA GCAATCAACA AAGACTTGAG	1500
	TGGACTTGAA GATGAAGAAA CGAAAGAAAA TCAAAGTGG TTAGAAGCGG TCATAGATCA	1560
25	TATCGAATCT ATTACAACAC GATTAGAAAT CGAAGAAGTT AAGCGTCCAT GGCTACCACC	1620
	ATTGCCAGAA AATGTATATC ArGAAGATTT AGTAGAAaCa GATTTCAGAA AATTATGGTC	1680
	AGATGATGCA AAAGAAGTGG AATTAACATT AGGACTTAAA GACGTACCAG AAGAACAATA	1740
30	TCAAGGACCG ATGGTATTGC AATTGAAAAA AGCTGGGCAC ATCGCGTTAA TCGGAAGTCC	1800
	AGGATATGGT AGAACAACGT TCTTACACAA CATTATTTTC GATGTTGCAA GACACCATCG	1860
	TCCTGATCAA GCACACATGT ACTTGTTTGA TTTCCGTACC AATGGTTTGA TGCCAGTTAC	1920
35	AGACATACCA CATGTCGCTG ATTACTTTAC AGTAGATCAA GAAGACAAGA TTGCTAAGGC	1980
	GATACGTATA TTTAATGATG AAATTGATCG TCGTAAGAAG ATTTTAAGTC AGTATCGTGT	2040
40	CACTAGTATT TCTGAATATC GAAAATTAAC TGGTGAAACA ATTCCGCATG TCTTTATTCT	2100
	TATTGATAAC TTTGACGCAG TAAAAGATTC ACCTTTCCAA GAAGTTTTTG AAAATATGAT	2160
	GATTAAAAATG ACGCGTGAAG GGCTAGCATT AGACATGCAA GTAACCTTAA CTGCTTCAAG	2220
45	AGCTAACGCT ATGAAAACAC CAATGTACAT TAATATGAAA ACGCGTATCG CAATGTTTTT	2280
	ATATGATAAA TCAGAGGTGT CGAACGTAGT AGGACAGCAA AAATTTGCGG TTAAAGATGT	2340
	TGTGGGTCGA GCATTGTTAA GTAGTGATGA CAACGTATCA TTCCATATTG GCCAACCATT	2400
50	TAAACATGAT GAGACCAAAT CATATAATGA TCAAATTAAT GATGAAGTAT CGGCGATGAC	2460
	AGAATTTTAT AAAGGTGAAC ACCAAATGAT ATtCCTATGA TGCCAGATGA AATTAAATAT	2520

55



## EP 0 786 519 A2

	GGATTAGATT ATGAAGGTGT TACACTACAA AAAATTAAAT TAACTGAACC AGCAATGATT	2640
	TCATCAGAAA ATCCGAGAGA AATTGCGCAT ATTGCTGAAA TTATGATGAA AGAAATTGAC	2700
5	ATATTAAATG AAAAATATGC GATTGTATC GCAGACTCAA GTGGAGAGTT TAAAGCTTAT	2760
	AGGCATCAAG TGGCTAACTT TGCCGAAGAA AGAGAAGACA TTAAAGCGAT TCATCAACTA	2820
	ATGATTGAAG ACTTAAAGCA AAGAGAAATG GACGGCCCAT TTGAAAAGGA TTCACCTTAT	2880
10	ATTATCAATG ATTTTAAAC ATTTATTGAT TGCACGTATA TTCCGGAAGA TGATGTTAAA	2940
	AAGCTTATTA CAAAAGGACC AGAAGCTTGGC TTGAACATTT TATTTGTTCG CATTCTATAA	3000
15	GAATTAATAG ATGCTTATGA TAAACAGATT GATGTTGCAC GTAAAATGAT TAACCAATTT	3060
	AGTATAGGTA TTCGTATTTT AGACCAACAA TTCTTTAAAT TTAGATTTAT TCAACGAGAA	3120
	CCTGTTATTA AAGAAAATGA AGCATATATG GTCGCAAACC AAGCTTATCA AAAGATTAGA	3180
20	TGGTTTAAAT AGCAATGAAT TAAATAGGAG GGAGGTATGT TATGAATTTT AATGATATTG	3240
	AAACAATGGT TAAGTCGAAA TTTAAAGATA TTAAAAAGCA TGCTGAAGAG ATTGCGCATG	3300
	AAATTGAAGT TCGTTCTGGA TATTTAAGAA AAGCTGAACA ATATAAGCGA TTAGAATTTA	3360
25	ATTTGAGTTT TGCACTAGAT GATATTGAAA GCACAGCAA GGACGTACAA ACTGCAAAT	3420
	CTAGTGCTAA TAAGGACAGT GTAAGTGTTA AGGGAAAGGC GCCCAATACG TTATATATTG	3480
	AAAAAAGAAA TTTGATGAAA CAAAAGCTTG AAATGTTGGG TGAAGATATC GATAAAAATA	3540
30	AAGAATCCCT CAAAAAGCT AAGGAAATTG CTGGCGAAAA GGCAAGTGAA TATTTTAATA	3600
	AAGCAATGAA TTAATATTGA GGTGAAGATA TGGGTGGATA TAAAGGTATT AAAGCAGATG	3660
	GTGGCAAGGT TGATCAAGCG AAACAATTAG CGGCAAAAC AGCTAAAGAT ATTGAAGCAT	3720
35	GTCAAAAGCA AACGCAACAG CTCGCTGAGT ATATCGAAGG TAGTGATTGG GAAGGACAGT	3780
	TCGCCAATAA GGTGAAAGAT GTGTTACTCA TTATGGCAAA GTTTCAAGAA GAATTAGTAC	3840
40	AACCGATGGC TGACCATCAA AAAGCAATTG ATAAGTTAAG TCAAAATCTA GCGAAATACG	3900
	ATACATTATC AATTAAGCAA GGGCTTGATA GGGTGAACCC ATGATGAAAG ATGTTAAGCG	3960
	AATAGATTAT TTTTCTTACG AAGAATTAAC AATTTAGGT GGTAGTAAAT TGCCTCTCGT	4020
45	AAATTTTGAA TTGTTTGATC CATCAAATTT TGAAGAAGCT AAAGCTGCTT TAATTGAAAA	4080
	GGAATTAGTA ACAGAGAATG ACAAGTTAAC TGATGCAGGT TTTAAAGTGG CTACATTAGT	4140
	CAGAGAGTAT ATTAGCGCCA TTGTAAATAT TCGAATTAAT GATATGTATT TTGCACCATT	4200
50	TAGCTATGAA AAAGATGAAT ATATTTTGTT AAGCCGGTTT AAAAATAATG GGTTCAAAT	4260
	ACGAATTATC AATAAAGACA TTGCATGGTG GTCGATTGTA CAATCATATC CTTTATTGAT	4320

55

CTTAAATAAT GAAAGTATCG ATACGATTGG GCGTGTTTTA GAAATTGAAA TATACAATCA 4440  
 TCAAGGTGAC CCTCAACAAA GTTTATATAA CATTTATGAA CAAATGATT TGTATTTCAT 4500  
 TCGATACCCA TTTAAAGATA AAGTGCTGAA TGTTCATATT GGTGTCATTA ATACATT 4557

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 342:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3931 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 342:

TTGAGTGACT TTATTGAAGC GCGTGTAGAA GAAATATTCT TCGAAGTATT TGATGTTTAA 60  
 CAAGATTTAG GATTAACAAA AGTAAATGGT GGGTTTATTG TAACTGGTGG ATCTGCAAAC 120  
 TTACTTGGCG TAAAAGAATT ATTATCAGAT ATGGTAAGTG AAAAAGTTAG AATTCACACG 180  
 CCATCACAAA TGGGAATTAG AAAACCTGAA TTTCTTCAG CAATTCTAC AATTTCTAGT 240  
 AGTATCGCTT TTGATGAGTT ATTAGATTAT GTTACAATTA ATTATCATGa TAATGAAGAA 300  
 ACTGAAGAAG ATGTTATTGA TGTGAAAGAC AAAGATAACG AATCTAAATT AGGCGGaTTT 360  
 GaTTGGTTTA AACGTAAAC AAACAAAAAA GATACTCATG aAAATGAAGT AGAGTCAACA 420  
 GATGAAGAAA TTTATCAATC AGAAGATAAT CATCAGGAAC ATAAACAGAA TCATGaACAT 480  
 GTTCAAGACA AAGATAAAGA TAAAGAAGAA AGTAAATTCA AAAAATAAT GAAATCTCTA 540  
 TTTGAATGAT TATTGGCCAA TAAACTAGG AGGAAATTTA AATGTTAGAA TTTGAACAAG 600  
 GATTTAATCA TTTAGCGACT TTAAAGGTCA TTGGTGTAGG TGGTGGCGGT AACACGCCG 660  
 TAAACCGAAT GATTGACCAC GGAATGAATA ATGTTGAATT TATCGCTATC AACACAGACG 720  
 GTCAAGCTTT AAACCTATCT AAAGCTGAAT CTAATATCCA AATCGGTGAA AAATTAACAC 780  
 GTGGTTTAGG AGCAGGAGCT AATCCTGAAA TCGGTAAAAA AGCTGCAGAG GAATCTCGTG 840  
 AACAAATTGA AGATGCAATC CAAGGTGCAG ACATGGTATT TGTACTTCT GGTATGGGTG 900  
 GCGGAACTGG TACTGGTGCA GCACCAGTCG TTGCTAAAT TGCAAAAGAA ATGGGCGCAT 960  
 TAACTGTTGG TGTTGTAAT CGTCCATTTA GTTTTGAAGG ACGTAAACGT CAAACTCAAG 1020  
 CTGCTGCTGG AGTAGAAGCT ATGAAAGCTG CAGTAGATAC ATTAATCGTT ATACCAAATG 1080  
 ACCGTTTATT AGATATCGTT GACAAATCTA CGCCAATGAT GGAAGCATT AAAGAAGCTG 1140  
 ACAACGTGTT ACGCCAAGGT GTACAAGGTA TCTCAGACTT AATCGCTGTT TCTGGTGAAG 1200

	GTATTGGTGT TTCTTCTGGT GAAAATAGAG CGGTAGAAGC TGCTAAAAAA GCAATCTCTT	1320
	CTCCATTACT TGAAACATCT ATCGTTGGTG CACAAGGTGT GCTTATGAAT ATTACTGGTG	1380
5	GCGAGTCATT GTCATTATTT GAAGCACAAG AGGCTGCTGA TATTGTCCAA GATGCTGCAG	1440
	ATGAAGACGT TAATATGATT TTCGGTACAG TTATTAATCC TGAATTACAA GATGAGATTG	1500
	TTGTAACAGT TATTGCAACT GGTTTTGATG ACAAACCAAC ATCACATGGT CGTAAATCTG	1560
10	GTAGCACTGG ATTCGGAACA AGCGTAAATA CTTCTAGCAA TGCAACTTCT AAAGATGAAT	1620
	CATTCACTTC AAATTCATCA AATGCACAAG CAACTGATAG TGTAAGTGAA AGAACACATA	1680
15	CAACTAAAGA AGATGATATT CCTAGCTTCA TTAGAAATAG AGAAGAAAGA CGTTCAAGAA	1740
	GAACAAGACG TTAATCGGTT AATATATATA CACAAATAAT TCAACACAAA TCATCAGATA	1800
	ACATATCTGA TGATTTTTTT ACTAATTTTT AGAACATGTA GAAGGACATT TAAGTTTTTC	1860
20	AAAGTTATTA AAAGTGTTTA AGTATCGTGT GAAAATTAAG TCaAAAATTA TTTGCGCAAC	1920
	ATTTTAACTT TAAACATAAA TGTTATATTA TATAATTATT AACTTTGTAC AGTTAGACGA	1980
	AGATAATTTA AATGAAATGA TGGTGACGAT CGAGTGAATG ATAATTTTAA AAAGCAACCG	2040
25	CATCATTTAA TATATGAAGA GTTATTACAA CAAGGTATTA CTCTAGGTAT TACAACCTAGA	2100
	GGAGATGGTT TAAGTGACTA TCCTAAAAAT GCTTTTAATA TGGCGAGATA TATTGATGAT	2160
	CGCCCATATA ATATTACTCA ACATCAATTG CAATTAGCTG AAGAAATTGC GTTTGATAGA	2220
30	AAAAATTGGG TGTTTCCCAT TCAAACACAT GAAAATAAAG TCGCTTGTAT TACAAAGGAT	2280
	GATATAGGCA CAAATATAGA CACTTTAACT GATGCGCTTC ATGGTATTGA TGCGATGTAC	2340
35	ACATATGATA GTAATGTCTT ATTAACGATG TGTTATGCAG ACTGTGTACC AGTATATTTT	2400
	TATAGTACAA AACATCATTT TATTGCATTG GCGCATGCAG GTTGGCGTGG TACCTATACT	2460
	GAAATTGTAA AAGAAGTGCT AAAACATGTG AACTTTGATT TGAAAGACTT ACATGTCGTT	2520
40	ATTGGACCAT CTACATCATC AAGTTATGAA ATTAATGATG ATATTAAAA TAAATTTGAA	2580
	ACATTGCCAA TTGATAGTGC CAACTATATT GAAACTAGAG GACGAGATCG TCATGGTATT	2640
	GATTTGAAAA AAGCCAATGC TGCATTATTA ATTTATTATG GTGTTCTTAA AGAAAATATT	2700
45	TATACGACAG CGTATGCTAC ATCTGAACAT TTAGAATTAT TTTTCTCTTA TCGATTAGAA	2760
	AAAGGTCAAA CAGGACGCAT GTTAGCATTG ATTGGTCAAC AGTAAACAAG GAGGAGATAT	2820
	GTTTGCGTGT GAAAGATAAT TTACAACAAA TCTCAACACA AATTAATGAC AAAAGTGAAA	2880
50	AAAATAATTT TTCAACAAAA CCAAACGTGA TTGCAGTTAC AAAATATGTT ACAATAGAGC	2940
	GAGCTAAAGA AGCGTATGAG GCTGGAATAA GACATTTTGG TGAGAATAGA TTGGAAGGCT	3000

55

AATCTCGAAA AGTTAAGGAC GTTATAAACG ACGTAGATTA TTTCCATGCT TTAGATCGAT 3120  
 TGAGCTTAGC CAAAGAAATT AACAAACGTG CAGAACATAA AATTAAATGT TTCTTGCAAG 3180  
 5 TGAACGTTTC GGGAGAAGCT TCTAAACATG GTATTGCTTT AGAAGATGTT GATCAGTTTA 3240  
 TAGATGATCT TAAAAAATAT GACAAAATCG AAATTGTAGG TTTAATGACG ATGGCACCAT 3300  
 TGACAGATGA TGAAGCATAT ATTAGATCGT TATTTAAACA GTTACGTTTG AAAAAAGAAG 3360  
 10 AAATACAACG ACTCAATTTA GAATATGCGC CTTGTGATGA ATTATCAATG GGAATGAGTA 3420  
 ATGACTATCT TATTGCAGTT GAAGAAGGTG CGACGTTTGT TAGAATTGGG ACTAAACTTG 3480  
 TAGGAGAAGA GGAGTGAGCC ACTTGGCTTT AAAAGATTTA TTTAGTGGAT TTTTGTAAAT 3540  
 15 AGATGATGAA GAGGAAGTAG AAGTACCTGA CAAACAACAA CAGGTAAATG AAGCGCCAGC 3600  
 AAAAGAGCAG TCACAACAAA CAACAAAACA AAACGCAATC AAATCAGTCC CTCAAAAATC 3660  
 20 TGCATCAAGA TATACAACAA CGTCAGAAGA AAGGAATAAC CGTATGTCTA ATTATTCAAA 3720  
 AAATAATTCA CGTAATGTTG TAACTATGAA CAATGCTACA CCAACAATG CATCACAAGA 3780  
 AAGTTCAAAA ATGTGTTTAT TCGAACCACG TGTTTTTTCA GATACACAAG ATATTGCTGA 3840  
 25 TGAGCTTAAA AACC GCCGTG CGACACTTGT CAATTTACAA CGTaTTGATA AAGTATCAGC 3900  
 GAAAAGAATT ATTGATTTTT TAAGCGGTAC T 3931

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 343:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3150 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 343:

AATTGTCGGG GGA CTCTTAG GTTTTGTCAT GCAAAGAACA AGATTTTGTT TAACAGGTGG 60  
 CTTTCGAGAT ATGTATGTGC AAAAGAATAA TAAGATGTTT TATGCATTAT TAATCGCTAT 120  
 TACTATTCAA AGTATAGGAT TATTGATTTT GACGGCAACA GATATTTTAC AAATTCCTGC 180  
 45 ACATAGTTTT CCAATATTGG GAACAATTAT AGGTTCTTTT ATTTTGGAA TTGGAATAGT 240  
 ATTGGCTGGA GGATGTGCAA CAGGtACTTG GTATCGCGCT GGTGAAGGGC TAATTGGTAG 300  
 TTGGATTGCA TTAGTATTAT ATGCTGTTAC TGCAGCAATC ACTAAAACAG GGATTTTAAA 360  
 50 GCCAGTAATG GATAAAATTA ATCAACCAAC GAATGTAAAT AGTGATATGT CTCAAACAAC 420  
 TGGCATTCCG TTTTGGGGAT TAGTCGTTAT ATTAACATA ATCACCATT TTCTAGTTGT 480

	AGGTATTAGA TATTACCTTT TCGAAAAACG ATACCATCCA TTTATTGCAG CAATTGTAAT	600
	TGGACTTATC GCACTCTTAG CTTGGCCAAT GAGTGCATCA ACTGGAAGAA ATGACGGTTT	660
5	AGGTATAACA ACGCCTTCAG CAAATTTAGT ACACTTTTTG ATTACAGGTG AAACATAAAT	720
	TATTGATTGG GGTGTCCTTT TAGTTCTAGG AATTTTCATT GGTTCATATA TTGCAGCTAG	780
	AGGATCAAGA GAATTTAAAT GGCGATTGCC AGACAAGATT ACAATACGAA ACAGTGCCAT	840
10	TGGTGGCATA TGTATGGGAT TTGGTGGCCTC AGTTGCTGGT GGTGTTCTTA TCGGTAACGG	900
	TTTGGTTGAA ACGGCAACGA TGAATTGGCA AGGATGGATT GCGCTAGCAT GCGATGATAG	960
	TTGGTGTATG GACAATGAGT CATTTTATCT TTGTTCTGTC AATGAAAAAA GTACACCAAC	1020
15	AATCTGCAAA GGTTAAACAG CAAACGCAAA TAGTATAGAA GATTATTATG CAAATGATGT	1080
	TGATCAAATA AAAGTGATTG GAAAAGGAGA AATAATTATG ATACACGAAT TAGGTACAGT	1140
20	AGGAATGGTA TGTCCATTTT CGTTAATTGA AGCGCAAAAG AAAATGGCAA CATTGCAATC	1200
	TGGAGATGAA TTAAAAATTG ATTTTGATTG CACGCAAGCG ACGGAAGCCA TTCCAAATTG	1260
	GGCTGCAGAA AATGGTTATC CTGTAACAAA CTATGAACAA ATTGATAATG CTTCATGGAC	1320
25	AATTACAATT CAAAAAGTTT AACGTTATCA TTTTAACAAT AAAATAGATA TTAGATTCTA	1380
	TGGCTACTTC CGCTAATTTA AAAGTGAGTA AGTAGTCTTT TTTTTTTTAG TTCATGAAAT	1440
	CATTTTATA TAGTGTGGCA CATTTTATTC CAAAAGATGT AATAAACTT AACGCATTTT	1500
30	TGCTTTTTAT AAATTGTCAG ATTATTATGA AAAAAAGGGA GTGGTAAGTA TGAATCTTAA	1560
	CGATACGATA TTTATGTTTT TGTGTACATT ATTAGTTTGG TTAATGACAC CAGGATTAAG	1620
	TTTATTTTAT GGTGGGTTAG TTCAATCTAA AAATGCGCTT AATACTGTCA TGCAAAGTAT	1680
35	GGCAGCAATT GTGCTTGTTA CATTTGTATG GATAACAGTT GGTTTTACAA TTAGTTTGG	1740
	GAATGGGAAT TTATGGTTCT GAAATGGGA ATATACTTTT CTTAATCATG TAGGTTTGC	1800
40	GACTCAAGAA GATATTAGCC CACATATTCC TTTGCTTTG TTTATGTTAT TTCAAATGAT	1860
	GTTTGTACG ATTGCAATTT CTATTTTATC TGGTTCAATC GCTGAGAAAA TGAAGTTTAT	1920
	TCCTTATTTA TTATTCGTAG TAATATGGAC TGCTCTTGTA TACAGTCCAG TAGCACATTG	1980
45	GGTTTGGGGC GGCGGTTGGA TTAACAAACT CGGTGTATTA GATTTCGCTG GAGGTACGGT	2040
	TGTTCATATT ACATCAGGTG TTTCTGGTTT AGTATTAGCT ATTATGATTG GAAAAGGAAA	2100
	CAAACATTCT GAATCAACAC CACATAATCT TATCATACG TTGAATGGCG GTATATTCTG	2160
50	GTGGATTGGT TGGTATGGAT TTAATGTAGG TAGTGCTTTT ACATTTGATA ATATTGCGAT	2220
	GCTTGCATTT ACAAATACTG TCATTCAGC CAGTGCAGGT GCTATAGGTT GGTTAATTTT	2280

55

5   ATTAGTTGTC ATTACTCCTG CAGCAGGATA TGTAACATAT CTTAGTGCAA CAATAATGGC   2400  
 TTTAATAGGA GGTATCTGTT GTTATATTGT CATTAATTAC ATCAAGGTAA AACTAAAATA   2460  
 TCATGATGCA TTAGATGCAT TTGGTATTCA TGGTGTGGT GGTATTATTG GTGCTGTTTT   2520  
 AACAGCAGTT TTCCAAAGTA AAAAAGCCAA TCCTGACATT GAGAATGGCT TTATTTATAC   2580  
 10   TGGTGACATA CATATTATAC TTGTACAAAT ATTATGTGTA ACAGCAGTTG TAATTTTTAG   2640  
 TATAGTCATG ACGTTTATTA TTGCGAAAGT AATTAAATTa ATTACACCAT TATCTGTTAC   2700  
 GGAACAAGAA ACGAATATAG GATTAGACAA GATTGTTCaC GGTGAACATG CTTACTTTGA   2760  
 15   AGGTGAGCTA AATAGATTCA ATAAACATAT TCGATATTAG AATATATTTA CATAGAATAT   2820  
 TCATTGTCCT GACATTTAAC TAAAGGTTGA TGTGGGACA TTTTGTTATA CAAAAGTTTT   2880  
 ATTTTGAAAT CTTTTTATGA AAGAAGCAGA AATATTATTT AAAGCGGTTA CACATATGCT   2940  
 20   AAAATAAGGC TAAGTGTAC AAATAATGAT AGGTGAATAA GTATGAAAAA TATATCTGAT   3000  
 ATTGCCAAAT TGGCAGGCGT TTCAAAAAGT ACAGTATCTA GATTTTTTAA TAATGGATCT   3060  
 GTCAGTAAAA AAACAAGTGA AAAATTAACA AGAATTATAG CAGAACATGA CTATCAACCG   3120  
 25   AATCAATTTG CTCAAAGTTT AAGAGCGAGA   3150

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 344:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3719 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 344:

35   GTTATAGTGA AATTGACTCA TCACATTTCA CAGACCGTGA CAAACGCGTT ATTAGACGTG   60  
 40   ATCATGTTAA AGAAGCACAA AGCTTAGTAG AGAACTATAA AGATACACAA AGTGCTGATG   120  
 CTAGGATGAA AGCCAAACAA AAAGTTAACA CATTAGCAA ACCGCATCAA AACTATTTCA   180  
 ATAAACAAAT TGATAAGGTT TATAATGGAT TACAACGCTA ATCCAAAGTA AATTATAAGT   240  
 45   TATACATCTC GTTTTTAAAT GACAATTTAT CCCCCTAAAT ATTATAAATA ATCTTTTCAA   300  
 ATTCCACATA GATATAGAGA CACTAATAAA CCTCTTGTC TCGATATGAT AGTCTGCAAC   360  
 50   GATTCATGTT GTAGGCTTTT TAATTTTACA AATAAGGCTA AATATATAAG TTCTGGCACC   420  
 TAAATATAG AAAATACATA AAAGTAAGTA TAGTTATTTT ATTATAATTA TTAAATTTT   480  
 55   ATTAATTAAT TGTAATAATG TATAATTATA ATTAATTAAC GTTAAATATT AAAATTAAC   540

## EP 0 786 519 A2

	ATCGTTTCAA TATTACTTAT AGGGATGGCT ATCAGTAATG TTTCGAAAGG GCAATACGCA	660
	AAGAGGTTTT TCTATTTTCGC TACTAGTTGT TTAGTGTTAA CTTTAGTTGT AGTTTCAAGT	720
5	CTAAGTAGCT CAGCAAATGC ATCACAAACA GATAATGGCG TAAATAGAAG TGGTTCTGAA	780
	GATCCAACAG TATATAGTGC ACTTnCAACT AAAAAATTAC ATAAAGAACC TGCGACATTA	840
10	ATTAAAGCGA TTGATGGTGA TACGGTTAAA TTAATGTACA AAGGTCAACC AATGACATTG	900
	AGACTATTAT TGGTTGATAC ACCTGAAACA AAGCATCCTA AAAAAGGTGT AGAGAAATAT	960
	GGTCCTGAAG CAAGTGCATT TACGAAAAAA ATGGTAGAAA ATGCAAAGAA AATTGAAGTC	1020
15	GAGTTTGACA AAGGTCAAAG AACTGATAAA TATGGACGTG GCTTAGCGTA TATTTATGCT	1080
	GATGGAAAAA TGGTAAACGA AGCTTTAGTT CGTCAAGGCT TGGCTAAAGT TGCTTATGTT	1140
	TATAAACCTA ACAATACACA TGAACAACTT TTAAGAAAAA GTGAAGCACA AGCAAAAAAA	1200
20	GAGAAATTAA ATATTTGGAG CGAAGACAAC GCTGATTGAG GTCAATAATG CTCATTGTAA	1260
	AAGTGTCACT GCTGCTAGTG GCACTTTTAT AATTTTITAGA TCACGATATG ATTTATTATC	1320
	AATTCAGAAT TAAAAAGTA AATAGTATCA AAAGTAAGTG TATTTAATAT TAGAAAATAA	1380
25	AAATTTTAAA TTTAGTATTA AAATGGAATG TTACTATATA GTTCAATGTG TATTATCACA	1440
	GAAAATAAAA TAATGCTTTA CTTCTATATT TAAAAGTGTA TAATGAAAGT TAAGTAATAA	1500
	AGAGCGTGAA GAAAAATGTG AGTTATTTAT ATAGAATATT CTCCTTTTCA TTTATGAATT	1560
30	TGTTACAAAA TATTTAGTGC AAAAGCACGA cGGAGGTATT CAATATGaAT AACGGTACAG	1620
	TTAAATGGTT TAATGCAGAA AAAGGTTTTG GTTTCATCGa AAGAGAAGAT GGTAGCGACG	1680
35	TATTCgTACA CTTctCAGCA ATCGCTGAAG ATGGATACAA ATCATTAGAA GAAGGCCAAA	1740
	AAGTTGAATT CGACATCGTT GAAGGCGACC GTGGCGAGCA AGCTGCAAAC GTAGTTAAAA	1800
	TGTAATTTTA ACTTATTCAA ACAGTCCTTA CTATAGGGCT GTTTTTTTAT GCTTTAAATC	1860
40	GATAACAGTT GGTGTGGTAA AAGCACTAGC CGTTATTTTT TTGTCCAATA AATTTAGTTG	1920
	GAGATTTAAC AATATATAAT GGTTCATAAA TAAATCGAAC TGATGGAAAA GTTTTTTACT	1980
	TTTCATCTGT CCGACTTTTG ATTTTGAATA TAAAAAGCG CCAATACAGA ACTTTAATAA	2040
45	TGACGAGAAT TAAAGTCTGT ATATGGCGAT AACAAGAAGT AATGTTAAAC ACTCAAATG	2100
	TTTAACAATA ATAGGATACC ACATCGCATA ATATCTTACT ACTTAATTAA TAATTTAACT	2160
	AATCAACTTT TTGTTAATTT TTTATTAAGA CTGATTAATT ATTGAGAATA TTTATTGTTT	2220
50	TTAAATCTC ATAATAATTC AGTAATCTTG TTTTCATTTA AAAGGCGAAA CATTAAAATA	2280
	ATTAAATAAA AATATTGCGT TTAATTTACA GCGTCAAATA TACTTATTC TAATGCTTTG	2340

55

ATTTCTGTGA GTATTTGGAA GCTACCATTA GGCAACGGTT TAACAATAGA CAATTGCTTT 2460  
 TCCGCTTGTT GTATTAAAAA AGGTTTGTGA GATTGATTAT TAATATGCCA TTCACTCATG 2520  
 5 TATGTTTTTC ACTCCTGCTT TAAATAGGG TTAGAAAGTT TATAGTTGAG ACATTCATGT 2580  
 TCAACCAAAA TTTTGTTCGA ATTCAATAAA TGTCTTGTTC AAAATAGAAA TATTGTAAAT 2640  
 GTTATCGTCC AAAACTTCAC CAGTTAAGTA TTTGTTTTGA ATTAAAATTT GGCAGTTAGT 2700  
 10 TAAGAAGTCT TGATAATCAC GATCGCAAAA ATAGTTTTCA CGTGCATCTT TAGCATCGCC 2760  
 AAAAAAGTTA GCGACTGTTT CTGTTTCTCC TTTATTCGAA CGTTCAATAT ATAATTTGTA 2820  
 AAATTTAGCT ATTGTATACT TTTGTTCTTT AGTTAGTTCA TTCAAATAT TGGGCCTCCT 2880  
 15 GAAATATCAT TTGTAATCTA TACCCAATTT ATTGCAAAAC AAAAATAAT TTAACATTTT 2940  
 GATGAACTG TGTTAATAAG CTTTAACAAG CCTTAGTTTG TATGGATCTA TAAATTATC 3000  
 20 TTTAATTGCA TAGGGTGAAA TAATATGTAG TCCATAACTT TTAAGTATT TTTCACTTAC 3060  
 ACCAAATTTA TAAGCTTGGT AGATAATTTT AGTACAATAC GTAAATTTTT TGCTGTTCAA 3120  
 ATTTAATGTA ACTAGATAAC GATGATTGTG ATTCTCATAG TTTTCTTAA CCCATTCAGC 3180  
 25 CGCTTTTTTA CCTGCACCAG GATAGCTGCA ACGATAAACT TTCATCCAAT CATTTTGTCC 3240  
 ACTTGCATAA TTATATTTAA AAGATTGCAA GGATTGTGTA GTTGGTTTGT CGCCAGGCCC 3300  
 CTCAATTTGT AAAATCGTTT TATCATCAAT CGCGATACTA CAATGACCAA AAAATCscCA 3360  
 30 CATGACAGGG CCTTTTGTA CAATAATATC ACCAGTTGT AATTGGAATT TGTCATCTTG 3420  
 AATTTCTGAA TACTTATTAT CTGCAATTGT TTTTGGTGAG TTTATTGGGG ATACGACAAC 3480  
 GAATAATATA AGTAAAATTA TCGTTCGTTT AATATAGTTC ACTTAAAAGC TCCTTGTGTA 3540  
 35 AGAAATATAT GTAAATAGTC TTAAATTAGA ATTGTAATCT TTAATAAGCT TGtAAGACTA 3600  
 AAACATATCT TAAATATTAA AGTATGAGAG TGTGAAATGT CTATTAAGAA TnAAAAACAG 3660  
 40 TCTGAAACAT CATTGAGACG TTCCAGACTG GATATAAAAT GAATTTCAAT TATAGCACA 3719

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 345:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1676 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 345:

TTGCGTTGCC GCACCAAGAT ATTGAATGCC TAGCGATTCC GAGTATGCAA ACTGAACGCA 60



CTCTTTAATA CGCGTTATCG CTTTTTGTA ATCTGCATCA TGATAACAAA TCATAACGCC 180  
 ATAGCCACCT GCTGTCGGAA GATCATCTCC CGGCCTAATT ACTAACGGGA ATTCCCAATT 240  
 5 CTTAATCTCG TTTTCGAATT GCTCAATTTT TACAACTTTT CTTTTTGTA AAAACTTCCC 300  
 ATTTGTCCAT TCAGGTATTC TTGCTTTATT ATTTAAAGCA ACAAATAACG TTTTATCTAA 360  
 TGCATAATAT TGCTGATTCA AGATTGTTTC ATCATGAATA TATTGAAAAT AAATCTTTTT 420  
 10 ATTTTCCTTA TGTGCCAATT GTTTGATCAA GTTTTCGTAA GATTGCTGAT TGTAAATGT 480  
 ATAAATTGAG TTCGGTACTT CTTACCAAT AACTTGAAAT AGCTGATGCA ATTTGTCTGT 540  
 15 CGCACTAGCT TCGTGAACAA TAACAGGTAA TTGATTTGCT ATTAATAACT CCCTACCAGT 600  
 TAAAAAATTA GATTGATGTT CGTCCGTTT CAACCATGGA TTCGATATAT ACGAAGGTCT 660  
 TGACGTATAG ACAACATCTT TGTCAATAA ATCACTTAAC GTTAAGTTCC GCTCATTACC 720  
 20 ATTATTTGTC ATTACTTCCC ATTCCCTTTC AAATGCGCAT GCTCTTCAAT AATGTCTTGA 780  
 TAAACGTCTT GATTTGTAAT TAACCTAAC CCCATCAACG CCATTATTTT AGCGCCTTTA 840  
 ATTAATGCTT CATCACCATG TACACTCGCA GCCGCTTCTC TAAATCTATG CGTATGTCCT 900  
 25 ACTAAATTAC GTGATCCTAT TTTAATATGA GGATGTATTG TTGGCACAac ATgaCTTACG 960  
 TTCCCTGTAT CCGTAGAGCC ATAACCAAAA TCATCATCAA TAACTGCTTC ACCAACTTCT 1020  
 TCAGCATATT TAGCAAATAA ATCATCTAAT TTCGGCGTTT TAATGAATTC ATTCACACCG 1080  
 30 TTTGAATTC GACCAAATTC ATAATCACAA CCAGTCTGTA TCGCAGCTCC ACGTGCATT 1140  
 TGATTACTT TTTCTGTTAA TATATCCAAT TCTTTACGCG TCATTGCTCT AGTATAAAAA 1200  
 35 CGAGCATGTG TATAGTCTGG AATAATATTA GCTGCTTTC CGCCATCTAA AATCACACCA 1260  
 TGCACACGTT GATCTTTTTT AATATGTTGT CGTAGTTGTG CTACACCATT AAAATAACTA 1320  
 ATCATAGCGT CTAATGCATT TAACGCTTCA TCTGCATTTT CAGAGGCATG AGCACTTTTT 1380  
 40 CCGTAAATTA TAACATCTAA AACATCCACT GCCAAAGTAT CAATCGTTTT ATAAGTTTCA 1440  
 TTTCCCGGAT GAATCATTAA GGCAATGTCT ATTTGATCAA TCACACCAGC CTTGACATAA 1500  
 GAAGCTTTAG CGCTACCATT TTCCCCACCT TCTTCAGCTG GACATCCAAG AACGACTACT 1560  
 45 TTACCACCAA TTTGGTCAAT CACTTGCTTC AAACCAATTG CACCAAGAAC ACTTGCAGTT 1620  
 CCAATGATAT TATGACCACA AGCATGACCC AATCCTGGCA AAGCATCGTA TTCTGC 1676

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 346:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1294 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 346:

5 TACAGTAGGA ATCATAAAAG CTAATACAAC AAATACAAAA CCATTTAAGG CATAACTAAA 60  
 TGTGTTCCAA ATTTGATGGT AATTCATTG TAGTTCCGTT TGTGCTCTAA TTAAACGGTC 120  
 10 GCGTTCTAAA CCATGGATTA GACCTGCGAT TACAACCTGCA ATGATACCTG AAGCATGAAC 180  
 TTCTTCTGCT AAAAAGTATA CGACAAAAGG AGTTAATAAT TGAATAAAAG TTAAGGTATT 240  
 GTTATCTTTT AAACCTTTAT TAGCGGTAA GTCTATACGT ATTCTAACGA CAACGAATCC 300  
 15 AATAATTGCA CCAATAAGTA CACCTAGTAT TGTGAAATG ATAAATTGTT CAACAGCTTG 360  
 GAATAATGAA AAGGTACCAG TTAATAATGC AGTAACAGCA ATTTTAAATG AAATGATACC 420  
 TGCTGCATCA TTGAGTAAAG ATTCACCTTC TAAAATCGTC ATAGAACCCTT TAGGTAATAA 480  
 20 TTTTCCGCGT GTAATAGCAG ATACTGCTAC TGCATCAGTA GGACATAAAA TTGCTGCTAT 540  
 TGCAAAAGCG GCTGGCATTG GTAAGGCAGG CCAAATCCAA TGTATAAAAT AGCCAACACC 600  
 GACTACAGTT GCAAACACTA GTGCCATTGA CATTAAATAGT ATAGGTTTAC GATATTCTAA 660  
 25 TAATTTTGTT CGAGAGACGT GGGTACCTTC CACAAAAGT AGTGGCGCGA TAACGGCAAA 720  
 CATAAATACT TCAGAATTGA ATTGGAAATC AACTTGTTATT GGAATAATGA AAATAACGAC 780  
 30 ACCTAATGCA ATTTGAATAA AGGCAGTAGG AATTTGTGGG AATCGATTAT TGATAACCGA 840  
 ACTAATAATC ACAGCAAAAA TAAAAATTAA AAATGCTTCT AATAGTGCCA TACAATACTC 900  
 CTCAAAATT TAATAGTTAA TATTTTATCA CTTTAAAGGC ATAATGACAT AGATATATTG 960  
 35 ATAAATGAA GTTATTTTCA AAAAACTCT AGTATCGGTT GAACTGATAC TAGAGCGAGA 1020  
 TGTTTAAATT ATTGATTGTC ATATCTGAAA TGACCGCTGT CATTTTGTGCG TTGTTTCATC 1080  
 GCGAGCTTTT CAGCATTGCT TTTGTATTTT TtATAAAAGa AAAATAaAAA TATnaACCaG 1140  
 40 AATGGCGAAA TATAAATAGC TGCTCTTGt TCGTCACTAA AGAATAATAA AATGAATACA 1200  
 AAGAAGAAGA ACGCTAGAAT AATGTAAGCA ATAGGCTTAC CACCAATCAA CTTAAATTTA 1260  
 45 CTGTTTTTAT GTGCCTCAGG ATGCTTTTTTC AAAT 1294

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 347:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1935 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	ACATGATAAT GATGACGCTA TTAAAACACG TTTTATTATT TTCATTGTTA TAACCTTCTT	60
	TCGTATGATT GATATTTGTT GATATGTATC GACATGTGAA TAATATCACA AAAACAGAGA	120
5	ATATATATTT AACTATTTAT TAAATGATTT TGTTAATATT ATTAAATACT TTATCCTCTT	180
	TAAAAATAAT GTGTGTACAA AGTCATTAAT TTAGCAAATA TTTTATTTA GTAGTTAATA	240
	ACCATCGATT TGAAATTTAT ATATAATTAT TAGCTAAATA ATATCCTGCA TCTTTCTCAT	300
10	ACAATTTACT ATAAAtTagC ATATCCGATA TCAGCGTTAA TAAGATCGTT GATACTAGmC	360
	AGTTAATTTT ATAGAACGAA ATCAAATAAC ACACTACTTT CTGCATTTTA AATTATGTTT	420
15	AAGAATCAnA ATTATGTTTA nATAAATATA TATACTACTT TGAAAGGTGT GAGCTTAATG	480
	ACAACTTTTA GTGAAAAAGA AAAAATTCAA TTACTAGCAG ATATTGTTGA ACTACAACT	540
	GAAAATAATA ATGAAATAGA CGTTTGTAAT TATTTAACAG ATTTATTCGA CAAGTACGAT	600
20	ATTAAATCTG AAATTTTGAA AGTTAATGAA CACCGCGCCA ATATCGTTGC AGAAATCGGT	660
	AACGGCTCAC CTATACTCGC ATTGAGTGGT CATATGGATG TTGTTGATGC AGGAAATCAA	720
	GATAATTGGT CATATCCCCC TTTTCAACTG ACAGAAAAAG ATGGCAAATT ATATGGCCGA	780
25	GGCACTACAG ATATGAAAGG CGGTTTAATG GCTTTGGTCG TATCTCTAAT CGAATTAAAA	840
	GAACAAAATG AATTGCCTCA TGGAACGATT AGATTACTGG CTA CTGCTGG CGAAGAGAAA	900
30	GAACAAGAAG GTGCCAAATT ATTAGCTGAT AAAGGCTATT TAGACGATGT CGATGGCTTA	960
	ATTATGCTG AACCAACTGG ATCTGGAATT TATTATGCAC ATAAGGGGTC TATGTCATGT	1020
	AAAGTAACTG CAACTGGTAA AGCTGTCCAT AGCTCAGTTC CATTATTTGG TGACAATGCA	1080
35	ATTGATACAC TGCTTGAATT TTATAATCTA TTTAAAGAAA AATATTGAGA GCTTAAACAA	1140
	CAAGATACTA AACATGAATT AGATGTTGCG CCTATGTTCA AATCATTGAT TGGAAAAGAA	1200
	ATTTCTGAAG AGGATGCAAA TTATGCATCT GGTCTTACAG CTGTATGTTT GATTATAAAT	1260
40	GGCGGcAAAC AATTTAACTC TGTACCAGAT GAAGCTTCAC TTGAATTTAA CGTAAGACCA	1320
	GTTCTGAGT ATGATAACGA CTTTATAGAA TCGTTTTTCC AAAATATCAT TAATGATGTG	1380
45	GATAGCAATA AGCTTTCACT CGATATTCCA AGCAATCACC GACCTGTAAC AAGCGATAAA	1440
	AATAGCAAAT TAATTACTAC GATTAAAGAT GTAGCTTCTA GTTATGTAGA ACAAGACGAA	1500
	ATATTTGTTT CAGCGCTTGT AGGCGCAACA GATGCCTCTA GTTTCTTAGG AGATAATAAG	1560
50	GACAATGTTG ATTTAGCCAT TTTTGGACCA GGTAAATCCAT TAATGGCACA TCAAATCGAT	1620
	GAATATATTG AAAAAGATAT GTATCTGAAA TATATTGATA TTTTAAAGA GGCTTCCATT	1680
55	CAATATTTAA AAGAAAAATA AGAACGATGC TGTCAGCTGC CCTATTCGCG TGCTGGCAGT	1740

TCAAATATCA ACAAGCACAT TTTCATTGAT TAAGTGATGT AAAACTGAAA TTATTGTGCT 1860  
 GATTGTGCAT ACATATATTG ACTAATGGGC ATATAAAAAG ATAGCCTCTA ATAGTnACAT 1920  
 5 AAACTCGTAA AAnCC 1935

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 348:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1351 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 348:

CCTTTnCCTA AACAAATTTTT AGATTTAGAC AACAAACCGA TTTTAATCCA TACATTAGAA 60  
 20 AnATTTATTT TAATTAATGA TTTTGAAAAA ATTATTATCG CGACGCCACn ACAATGGATG 120  
 ACGCATACGA AAGATACACT TAGAAAATTC AAAATTTCTG ATGAAAGAAT TGAAGTCATT 180  
 CAAGGTGGTA GCGATCGTAA CGATACAATT ATGAATATCG TTAAACATAT TGAATCAACA 240  
 25 AATGGTATTA ACGATGACGA TGTCAATTGTG ACACATGATG CAGTTAGACC ATTTTnAACG 300  
 CATCGTATTA TTAAAGAAAA TATTCAAGCT GCTTTAGAGT ACGGTGCAGT AGATACAGTG 360  
 ATTGATGCTA TAGATACGAT TGTTACATCT AAAGATAATC AAACGATTGA TGCAATTCCA 420  
 30 GtGCGTAATG AAATGTACCA AGGTCAAACA CCTCAATCGT TTAATATTaA TTTATTAAAA 480  
 GAaAGCTATG CACAGTTGAG TGATGAGCAA AAGAGTATTT TATCTGATGC TTGTAAGATT 540  
 35 ATTGTAGAAA CAAACAAACC GGTTCGACTT GTAAAAGGTG AGTTATATAA CATTAAAGTA 600  
 ACAACACCTT ACGATTnAAA AGTAGCGAAT GCTATTATTC GAGGTGGTAT TGCCGATGAT 660  
 TAATCAAGTA TATCAATTAG TTGCACCTAG ACAATTTGAA GTTACGTATA ACAACGTAGA 720  
 40 TATTTACAGT GACTATGTCA TTGTACGTCC TTTATATATG TCAATTTGTG CTGCCGATCA 780  
 AAGATATTAT ACTGGTAGCC GTGATGAGAA TGTCTTATCT CAGAAATTGC CAATGTCnTTT 840  
 AATTCATGAA GGTGTTGGTG AGGTCGTATT TGACAGTAAA GGTGTGTTTA ATAAAGGTAC 900  
 45 AAAAGTAGTT ATGGTACCGA ATACGCCGAC AGAAAAAGAC GATGTCATTG CTGAAAACTA 960  
 TTTAAAATCG AGCTACTTCA GATCAAGTGG ACATGATGGG TTTATGCAAG ATTTTGTGTT 1020  
 50 GCTAAATCAT GATAGAGCTG TACCACTACC TGATGATATT GATTnAAGTA TTATTTTATA 1080  
 TACAGAGCTT GTAACAGTAA GTTTGCATGC TATTCGTCGT TTTGAAAAGA AATCTATTTT 1140  
 AAATAaAAAT ACATTTGGTA TTTGGGGTGA TGGTAACTTA ggTTACATTA CAGCCATTTT 1200

GAGTCACTTC TCATTGTGTTG ATGATGTCTT CTTTATTAAT AAAATACCTG AAGGCTTAAC 1320  
 ATTTGATCAT GCATTGAGT GTGTGGGTGG T 1351

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 349:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 349:

TCATCAAGTC TACGATAAAT TAAGTCCATA TCTAAAGGCT CGGGGTCGAC AGTTTGTAAG 60  
 GTATAACCAA CTGCACAGTG GCTACAACGC ATATTACAAA GATTGTAGT TGTAAATTCG 120  
 ATGTTACTTA AAGTTAATTG GCCATGTTCT TTAACATCGT TATATGCTTC CCATGGGTGC 180  
 TTTTGAATAC TTATTTTAGG CTTGTTATTA CGCATTTTAT AAATCCTTA ATTGTTATTT 240  
 GATACCAATT TGATACCGTT TAATCAAATA TGCTCATAGC TTGATGTTTT TTATCAGTAT 300  
 ATAAATGAGA GTACGTTTGA ATTGTTTCTG TAATGTTAGA ATGCCTCATT AATTCCATTA 360  
 ATAAATACAT ATCTACACCA TTATTAATTA AaTAGCTAGC GTACGAGTGT G 411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 350:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1639 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 350:

TCATTTTCAT AGGTTATTAC GCAGATCAGC ATAATAATCC ATTCCATATG AGTcCTTATT 60  
 TTGGTTATGC AGCACGTCTA TTGGCAACAA GTGGCATTGA CTATACGTAT GTAAGAATGG 120  
 CAATGTACAT GGATCCACTT AAACCATATT TACCAGAATT GATGnATATG CATAAACTGA 180  
 TTIATCCnGC TGGCGATGGT CGTATTAATT ATATTACTAG AAATGATATT GCTAGAGGTG 240  
 TCATTGCTAT TATTAAAAAT CCAGATACTT GGGGCAAACG CTACTTATTA TCAGGCTACA 300  
 GTTATGATAT GAAAGAACTT GCTGCAATTT TATCTGAGGC ATCaGGCACA GAAATTAAAT 360  
 ATGAGCCCGT TTCATTAGAG ACATTTGCAG AAATGTATGA TGAACCTAAA GGCTTTGGTG 420  
 CATTATTGGC ATCAATGTAC GACGCAGGAG CAAGAGGACT ATTAGACCAA GAaTCCAATk 480

TTAATAATAA AGGAGCGTTA TAGTGAATAT CATCTCAACA ATTtTAATCA TATTTGTGGC 600  
ATTAGAGTTT TTCTATATTA TGTACCTTGA AACGATTGCT ACAACTTCCA AAAAGACTAG 660  
5 CGAGACATTT AATATAAGCG TCGATAAATT GAAAGACAAA AATATTAACC TACTTTTGAA 720  
GAACCAAGGC GTATATAACG GTTTAATCGG AGTTTGTGCTA ATATACGGTT TGTTTATCAG 780  
CAGTAATCCA AAAGAAATAT GCGCAGCTAT TTTAGTGTAT ATCATTGGCG TTGCTATTTA 840  
10 TGGTGGCCTT TCAAGCAATA TTAGTATCTT TTTCAAACAA GGCACATTGC CAGTATTGGC 900  
ACTCATATCA ATGCTTTGGT AAGTATTGGT GTTTGGGGGG GTGGAGATGT AGTCGGAGGT 960  
15 TTGGAGGATT TGAGCGAATT GTGTGTGGAC TTTAGACTCA GAGTATTTCA TCCTAATTAT 1020  
TTCAAGCAGA GGTGACAGTA GCGTTGCCTC TGTTTCCTTA TAAAAAAATT ATTTAATGAA 1080  
GAAAACCCAT ATCTGATTTA ATTTTCAGCT GATAAATACT CCATATATTA GAATGGCTAC 1140  
20 TTTATCTATT GCATCAATCC TTTAAAACAA AAAACCCATG ATTTGAAAT TCCCGTATGA 1200  
TGGGGTTCCT ACTCTCATGG ATCAGTTAAA TAAATATTAT CACTATCAGT TTATTATTTT 1260  
AATATTATTA ACAATATATG TAGTCGTAAA AGGAAAGAGG ACATGAGAAC TTCGGTGTG 1320  
25 ATTGGCATT CATAACGCTT CCAACATAT TATTTGGTAA CAATAAGAAA CTATTTACAC 1380  
AATATATTTT GTATAGTAAA ATTATTTTAT AATATTTAAA TCCAATTGCA CAAGGAGTGA 1440  
TTATCaTGGT ACCAGAAGAA AAAGGTCTA TTACTTTGTC AAAAGAAGCA GCTATCATAT 1500  
30 TTGCAATCGC AAAATTCAAA CCATTTAAGA ACAGAATTAA AAATAACCCA CAAAAACAA 1560  
ATCCATTCT TAAATTACAT GAAAACaAAA AATCTTAATC ACTTTtATTT ATAGcATTTT 1620  
35 TAATCTCAGA AATGCTATA 1639

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 351:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1816 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 351:

AAAATCGCAT ATAGTAATAT GAATAACCAG ATTGTATCTA CAAAAAAGTA TATTGAAAAA 60  
50 CCAAGCGCAC CCATTAATAA TGCGAGAATA ATAATAATTT TTCTATTAAA GTGATGCGTA 120  
TCCGAAAATC TAGCAATAAT TGAATTTACT GTAAACTGGC TAATCGCTGC AGATGCTAGA 180  
AGTAATCCAT ACTGATTGTG TGTACATACCT AAATCTTTAG TTGCAAAAAG AACCAAGATAT 240

TTCTYTATTT GTAATAACGC TGCAAACATA TCCATAACCC CGCTTCTTAG AGCCCCTTTT 360  
 AATTnATnAA TTAGGGGCTC TTATGCAGTT GGTGCATTAG CAACCAACTG TATTCCTTTG 420  
 5' TCCCCTTTTA ATTTATTaAT TAGGGGCTCT TTTGCTGTTG GTGCATTAGC AACCAACTAC 480  
 GTTCAATTTA ACCGAATAGT TTAAAATTAA ATACAAACCT TAAATTAGTC TAAAACTACG 540  
 CCTTTGGTTG TTCAACAAAG CTCGCCATGA GATTTACAAA AGAATCAACT TGTGGCAATT 600  
 10 GCAACATGCT CGGATCATAA CTCATAAATG TCGAACGAAT CAGCGGTTCA TTATCAATTT 660  
 CTACTTTTTTC AAACCTCAAAT TGTTCCTTGC TGATATTTTT CATCATAATT TCTGGCAAGA 720  
 15 TTGTAACACC TACACCACTA ATCAACATTT CTTTGCAAGT TGCTACTTGA TCCACTGTAA 780  
 TAGTTGCATG GTAATCTTGT TCTAAATTAT CGTTATACCA TTCTTTTATT TGATTTATAT 840  
 AAATCGGATC AGCTTGAAAC TCTATAAATG GTAACCTTGT AACATCATCT CGTCTATTTT 900  
 20 TTGGAAAAAT AAAATAATGA TCATCATTAA ATAAATGTGT GTTAGCTAAA TTCATTACCT 960  
 TATTTCCACG AGTTATCATA ACATGATAAT CTCTATGATT TGCTTTAATT TGTTTCAGTTG 1020  
 AACCAACTTG CACTTGTATT TCAACATTAG GAAATTGGGC ATTATATAGG CTCAAAACTT 1080  
 25 CAGGAAGTAA GGTTTGTCCA ATCAAAGAAG AACACCCGAT TGATATTGTT CCATTCACTT 1140  
 CACCAATATG TGCCTGCATT TTGTCAAAAA ATAATCGCTC TCTTTTCAAC ATGTCACGAG 1200  
 30 CATGCTCAAT AATCATTGTT CCTTCAGTTG TTGTAATCAA TTGTTTTTTT GTTCTGATAA 1260  
 AAATATCTAC TCCAAAAGCA TTTTCAATAG CTTTTAGTCT TTGTGTAACA GCAGGTTGAG 1320  
 ATATATATAA AATTTTCAGCC GCTTTACGTA ACGTTTTTCGT TTCGTCTAAT GTTATTAGTA 1380  
 35 AACGATAGTC TTCAATCTTC ATAATTTCCC CCCATAAATT ATTCAATTAT TGAACCTTCA 1440  
 TGGCTACAAG CATTTCATGAG TTCATTACTA ACGAATAATT TCACCAATTT TATTGGTATG 1500  
 GCTGCAGCTT GAATTACTTA GTTTTCTTTT TGTGTTGGT GATTTTTAGT TTGATTATAT 1560  
 40 TGCTTAGGCT TTATTTGTTT GCTTTTTTCA ATATTAGTTT TATTTTGTGG CTTTGTATGA 1620  
 TTTTTTTGAG CCTTTGCATT AATTTTATTA AAGCAGTACA TGATTTTCTT TTGGAATCCT 1680  
 45 TTAAAATCAT TTTCTAACTC TGCCATAATT TGATGTGCAA TCATATATGC TTCATGAAAT 1740  
 TGCTTTTTTG TAATTTGCTC ACTTTCTAAT GCAAACATTA AATCATCTTC ATCTACCAAC 1800  
 TCATaTcACC ACTTGG 1816

50 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 352:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 9956 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 352:

5	GCGTTGTCGT CGATGATTAA TAAAGTATGG GTATACCATT AAGAATAACG CTACCCAAAT	60
	gAKTGCTAGT GACGTGCCGC CAATGACATC TGAAAAGTAA TGTGCATGAA AATAAAGGCG	120
	ACAAAATAAT ATGCTAAGCC ATAATATTCC CATAACCAAC GCACTCAACA CTTTTGTTAT	180
10	TGTCTTAGCA GCAAGTGAAG TAATAATGAT CATTAAAGGCG AAATATAATA ATGTGCTGGC	240
	GTTGGAATGT CCACTCGGAA ATGAAAAGCC TGTATCAACG GCTAAATGAT TATATGGTCT	300
	TGGACGTAAT ACAGTATCTT TAATTAATTT GTTCATGATG ACACCTGAAA CCAAATATGT	360
15	CACAAACCAA ACCGCTAAAT GCCTCTGTTT AATAAACAGT ATGATTGTGA CGATAATGGA	420
	AATCAACACG ACACCTTTGA CATCTCCAAT TTCCGCACTA AACGTCATAT AGTAATTAAA	480
	CAAAATTGTTA ACATACTGAC GTTGTGGCTC ACCGAAATAA TCTGTAAACC ATGTTAATGA	540
20	TCCCATATCT ATATTTTAA GCCATTCTTG ATTGTCACT ACACGTGAAA ACATACCTAT	600
	AAATACAATC AGCGCGATTA AAAATAAAGG CACTGTcATT TTCGGTGATG TTAATTTTTT	660
25	ATCTATCATC TTACAATCTC CTCGTATCAT CATTTTCATT TTACAAATGT TATCCATAAT	720
	ATCAATGTGC CACAAATTC ACTTTACCGA CAATATCAAA ATTATAAAGT TCATATTGTT	780
	ATGTATATTG CAAATAAAAC ATTGTATAAT TGAAATAACA ATATTTTGCT ATTTTCAATT	840
30	TAGTACGATT TATATTTATT ATACAGAGGG GGTAAGGCGT ATCAATAGAG TTATTTTGT	900
	CTATATAGCG TTAATCATT CATTAGTTAG ATTCTTTACC CCTATTCATC CATCATTTTC	960
	AAATTTGATT TACTGGATAT TTGTATTATA TTTTATTCCT ATTATACTAT GCGTTATCGG	1020
35	TTTCAAGGCC GAAAACTTA TTGCAACAAT GGTCAATTATA CCTAATTTTT TAGGAATACT	1080
	TTATCGATTA TATGCCTACG TCACACATAT ACTCTTTATG TAAAAGGATA GTGGGCATGT	1140
40	CTCGCAACAA ATATGCTTGC GTCGACTTGT CACCATTTCG AAATTTTATG ACATACGCCT	1200
	TTCACGGGCT ATATTCAGAC CCACGCATTC ATCCACGTAA TAAACACATC ATGTAATAGA	1260
	AAAACAGCAC ACCCAAATAT ATGGCGTTGC GCTGTTTAA CAAGCATACT TCTATAGCTT	1320
45	TAATAAGCCA GCAGAAGCAT ACCTAACCTT CTAAATATG CTTTCCAAA TTATCCTCAA	1380
	GTTTGAATAC GATAATACGT TCACCTGTAA CTGTACTTAA ATCACTATGG AAGCTCATCA	1440
	CTTTGATACC TGTAATTTTA AAAATGATAT CATTCAAATC TTGCTCACCG GATTCAACTA	1500
50	ATTCAGAACG TGTTCGTTTA ATATTTAATA ATCCTTCATT CGTACTACAT ACACGATATT	1560
	CAGCTGGCGT TAAGATACCT TGTAAGCTAA TAATCACCAT ATCTCTTAAA ATGTCTGATT	1620

55



	TTTCAGCTTC	GATTTACACCT	TTCGTTCTTT	TCATATCACT	AACTCCAATA	ATATTAAAT	1740
	TGATTACTTC	ATCTTTGTAT	CGTTATCACG	ACATCAACTA	TTACATTAAG	TTTATCATTT	1800
5	TTAGTATATT	TTAAGAAGCT	AGAACATTGT	AGATATGATG	ATATATTAGT	TACTTAGCAT	1860
	CGCAACATAT	CATCGTTAAA	TCCAACTTTT	AAAACGCCCT	TCCTCATTAA	CGCTCATTAA	1920
	ACGCAGCCAA	TGATTAGACA	CCTTCCTAGC	GAAATGCTCA	TTATTGCGGA	GTAGTCTTGC	1980
10	TACAACATAG	TCGGGTGCCT	GAATAACGAC	AAGTAAACGA	ATTGGCGAAT	GATACATCGT	2040
	CCGATCAGCA	GCCATAACAG	ATTGCCATGA	TAAGCCATAC	ATCAGATCAC	TCGCATTACC	2100
15	TTGCATGACA	CCAACACCTG	ACGTGACGGT	TTGTGTCGCT	TTATTCCCAC	TTCCGTAAAA	2160
	ATGCGGCGCA	ACTGTCGACG	CATAATATTG	TAAATTAATC	CATTGTGCCA	CAAGTGCCGG	2220
	ACCAGAAATG	ATGGTATTTA	ATAATGTGCC	ATCTTTATCT	TTACGCCAAT	CATAATTGTG	2280
20	TAAAAATGTC	CGCCCTTCTA	AATCAATGCC	TTTTGTTAAT	TGGCGTCGTC	CAATTATAAA	2340
	TGATGCATTT	TTAGCCAATC	CCCATTCTGG	ACGTACCTCA	CTCCAATCAC	TCGCAAACCG	2400
	CTGCGCTTCT	TCCACTGGAT	GATTCACACG	ACCAATCGTT	GGCAGTTTGT	CCAAACGTTT	2460
25	GCGATTGCG	TGtTCAGAAA	TCATCGGCAT	CGCGTCATTC	AATGATTCAT	ATGCATCTAA	2520
	AGCAATAGAA	GATAATGTGT	CTGGCACATA	TACCCATGCC	AACGTATCAG	TAGACGTATG	2580
30	ATGTTCTGCT	ACCGCAAAAA	CAGTTGTCTC	TGGAATATAC	ACACCTGATT	GTTTTAATCC	2640
	TTGTCTGACA	TTTGGACGAT	TACATATCAT	CGCTAATAAC	TTAGCATTAA	AACCGCTTGA	2700
	TGCGCCACCA	CAAGCCCCAC	ATTCAAGTGA	TGCATGATGT	GGATTATTGT	GAGAATGACT	2760
35	AGCATGACCT	GCTAACACAA	CGAACGGCGC	AAATGCTTCG	GTTAAATCCA	TCAATTTCAA	2820
	CGCTTGTAAC	GCGAAATCAA	TTTGCTCTTG	CTCAGTAAAT	CCAACAGGTA	AGTCTGATGT	2880
	TCGGTCAAAC	TCACGATCAA	TCGTCAACTT	TGTTTCAGGC	TTTTTCAACC	ACTTTTGT TT	2940
40	TATTTTTTGT	AAAGACGCGC	GACTTTTTCT	AGGCATAATC	GAATTGACAA	TGGTACTTAA	3000
	GCTTAAAAAT	GGCCCACTTA	ATTCAGGCAA	TAACAGACTA	GGCATGACAT	TATTTTTTCAT	3060
45	CAATTTAAAT	GTGTAAAACA	TCGATGACAT	TGTCTGTTGC	TGTTGTCGAT	AAACATTCAT	3120
	ATCGTAGCGG	TCTGCAAATT	CTTTAATGCG	ATATGCCGGC	GGTACCATGA	CAGGTAATGA	3180
	ATCATGTTTG	AATTGTTTCGT	CTACGGCATC	TTTTTGAATA	GGTAATCCAA	AGAAGCCTGC	3240
50	AATACCAATC	GTTTCAAAGG	GCCCTGCTGC	TTGATATGT	CTACGAAATG	GTTCTGAACG	3300
	AACATCTATA	CAAAATGCAA	TTTGCGCTTT	CGTTGATGTG	CCCATCTGAT	TTAGCTCGCT	3360
55	ATTATTTTCA	TCAACTGCTT	GTGTGTCATT	TAACAATACT	GAATGTGGCT	GATTAGCGTT	3420

## EP 0 786 519 A2

	TGCTTTAATT	TTTTGTTTTA	ACTGAGATTC	GTATGTCATT	TCCCAGGCAA	TTAGCCATAA	3540
	ATTTTTAAAT	ACATTTTTAT	TCATAGTTGC	TGCAAAATGA	ATAAACGTTT	GAATTTTCATT	3600
5	GACGTCATGT	TGTAGTAATA	CATCGCTAGG	CATATCACTG	TAGTAACACC	ATGATGCAAC	3660
	AGTTTGCTTA	AACCAATTTT	CCGATCTACT	TTCACAATCT	TTAGCGACTG	ACTTAAACTC	3720
	ATCACCAACT	AGCAATTGTT	CGACAATAA	CCGAATTGCC	AAATAATCCG	TTAACAAATG	3780
10	TTGTTCAAAG	TGATGCTGTT	GTGAACGGTA	ATACAACATA	CCTGCCCAAC	CCGGTAACGC	3840
	CAAAAGATGT	CCTTCAACAT	AAGCTTGGTA	GTCTTCCTGA	TCTATTGAAA	AATGAGTTAA	3900
15	TACTGACTCT	ATCGTCATTT	CAGGATCATT	GGGTAAGCCT	TTAATCACTT	GGCGCTGTGC	3960
	TTTAGTAAAA	CTATGGTCAT	GTTGCGCTAA	ATGCAACCAT	GCATGGTAAA	AACTTTGCTC	4020
	ACGCTTCGGC	ATTGTCCAAC	TCGATAGAAA	TTGATCGATA	TAAAGTTTCG	TCCATTTAAT	4080
20	CATTTGACGA	TTCACTTGTT	CGCTAAGTGG	CTCACCTTGT	TCATCTATTA	TTGCATCACT	4140
	CATCGGACGT	ACATCATAGT	GATGATATGA	TTCAGCCATA	TCACGTTTTG	ATTTTTCTAA	4200
	TAGTAGATCA	GCAACAACAT	CAACATTTGA	ATGATTCATA	TATGATGCAG	GTACGTCTTT	4260
25	TAATGTTTTA	ATGTTATCAA	TATAAAGATT	GATGTAGTGT	TGCGGGATAT	TGTAGTGATG	4320
	TTCAAGTAAC	ATATCAGTAA	CAAGTTGATT	AAAGACACTT	TCATCTAATT	CACCACGTGC	4380
30	CACAGCGCTT	TCTATTAATG	CTTTATTTGG	GAAAATATCC	ACATCTCGAA	CATCACGTAA	4440
	CCATTTTGCG	ACATCTTCAA	ACGTATCCGC	TTCTAATCCT	TCCCATGGAT	TTCGTGCTGC	4500
	AAAAATCGAA	ATTGGTGATA	ATGGTGTAAT	AACACGTTTC	GCATTTTCAA	TGACTGAATT	4560
35	GATATTTAAC	TGTGTTGTCA	TACCTTTCAC	CTCCTATAAA	TACTTCTTCA	AATAATTCGG	4620
	ATGACTTTCT	ATCGCTTTTCG	AGCGTGCTTC	ACCTAGATTA	ACTAACCACA	CGTACAATAC	4680
	CGCAAAAGCC	TTAGAGTATC	GATGCCGCGC	CACCCAAATA	CTTAATAAAC	TGCCAAAGAT	4740
40	TAAAATAACA	ACACTAATGA	TGACACTCAC	TGTAGGCGGC	GTTGTGCGAT	GTGTTGTTAT	4800
	ATTTTGTAAT	ACAGCGTAAA	AATAATTATG	TGTGATGACG	TAGATAAATG	TCACGATTGC	4860
45	AATCAAAATC	ATACCAACAA	GACGTGCCAT	GCGTCCTTTA	CTAAAGGCTA	CCATTTGATT	4920
	CCAAGATACA	AGTAATGACC	ATCCTAGAAT	GAGTGCACTT	AACACTTCAT	ATGCACTTCT	4980
	GTCACTACTC	ATCCAAAATA	GAAATGCCAC	GATAATAGCT	AATACACGTC	CCATGACAAT	5040
50	CCAGCCATAA	GCGTCTTTAG	CAGATGCTTG	TTTTGGAATA	TTGAATCGCT	TCACGATAGA	5100
	ACCTGATTGT	AAAAATAATG	TTGCTTTAAA	AATACCGTGC	AATATTAAAT	GAATAATCGC	5160
55	TGCTGAATAT	ACACCCAATG	CACATTGAAC	TAACATAAAG	CCCATTGAC	TCATCGTAGA	5220

	AGAAATACTA GAAAGGATAA GTAATAATGA TAACGCAAAT CCATTATCAA ATATCGGCGC	5340
	AAAACGAGTT AGAATAACAC CACCTGCATT CACAATTCCT GCATGCATAA TTGCCGATAC	5400
5	TGGCGTTGGT GCCGTTACAG ATTCAATCAA CCATCGATGA AAAGGAAATT GTGCTGCCGG	5460
	TATCATGACA GCTAATACAA GTAGTACATT CGTCAACAAT GACCATGTCTG GATGAACTAT	5520
	ATGTTGTGGT ACCCGCCACT CGCCAGTCGC AATATAAATA GTTACAATTG CTCCAACGAA	5580
10	TGCAAGCCAA CCACATAAAA ATGTCATGCT TGATAATTTT GCAGACTCAC GTGGCACTTT	5640
	CCAAAAACGA TTAACGTTCA TCAGCAATGT TAAACATAAT AATGTAATAC CCCAGCAGAG	5700
15	TGCCATCAGT CTTAAGTCTT CAGACATCCA TGCTAAAGAT GCAAACGACG TAATCGCAGT	5760
	GAACAATGGA AAGTAATGTC TATAATGATG ATCACCTAGT AAATATCGCA TTGAAAACCTT	5820
	TTGAATAATA AAGCCAAGCG CCATTACAAA GCCAGCTAAT AACCAAGATA AACGATCTAT	5880
20	TTTAAATGGA CCTAAGACAT GTTGACCATG AATACCGAAA AAGCCAATGA CTGCAAATAA	5940
	TACTGGCATG ACTAGTATGT ATAAATGTAA TTTAATATAT CTCATTGGCA TAACTGGTGC	6000
	TAAAAACAAC AAGCCACTTA TCAATGCAAT GATAAGCGCA ATAACAAACA GTGAAAATAG	6060
25	CAATTGAAAA CTTAACACTG CATAACCTCC TTATTTCTAA TCTCTCGCAT AATTGCTTAT	6120
	GTATAAAAAT AAAAACCTAC AATAGTAGAT TCTGTACATA ATGGCAGAAA ATTTACTATT	6180
30	GCAGGTTTCA GTTTAACTAG ACACTGCATC ACGGTACGTT GATATACCTT GTTGCACTGT	6240
	TCTCTTTAAG CGTGCTCCCA TGCACATATG TATATAAAAT GTTACTTCTG TCTGTTCAAT	6300
	TCATCTTCAT AAATATGCTT TGCCTAGACG AGACCTAACG TGTATTTCGT TTTAACTTA	6360
35	TAACATAAAA TATAATTAAA TTTCTGCTTC ATGTCAAATT CATGAGCTTA ACCTCTATTA	6420
	AACCAATGAT TGTAAGATT TTGTAAATGC ACCTGTACAG TTAGGCAGTA TTTCCCGTCC	6480
	TTTTAAAATA AAAAATTCGC AGTTATGATC ATAACAATTC AAGTTAGGAA AAAAATCAAT	6540
40	TACGCACAAG ATAACTATGT ACAATGAAGT TAACTCATAA GCAAAGGAGG TAATCTTAAT	6600
	GGGTATCATC GCTGGCATCA TTAAAGTTAT CAAAAGCTTA ATCGAACAAT TCACTGGTAA	6660
45	ATAAGATTC ATAACAAACA AAGGAGGTCT TTCACATGGG TATCATTGCA GGAATCATT	6720
	AATTCATTAA AGGATTAATT GAGAAATTCA CTGGTAAGTA AGTTATAAAA ATCTCATAGA	6780
	TATGAACATC TTATTTGAAG GGGGCCATTC ACATGGAATT CGTAGCAAAA TTATTCAAAT	6840
50	TCTTTAAAGA TTTACTTGGT AAATTTTATG GTAACAACTA ATCTCAAACA TTAACGATCA	6900
	ACAACCTCATC ACTATGTTAA ATCAACATAC AGGAGGACAA AACGATGGCT ATTGTAGGTA	6960
55	CTATCATTAA AATCATCAAA GCAATTATCG ACATTTTCGC AAAATAATTT AAGCGAATTG	7020

	TTATTGATGT GAGGTGAGTC TTGTTAGTTT GTTGCAAATA AATGGTCTTG GTGTTTTTTG	7140
	TATAGGACGT TCTTAGTGGG ACATACGGAA TATTCGTGAT CTTTGTAGTC TGACGCGTTA	7200
5	TATTTTTGTG GCGTGTTTTA TGTTGATAC TCGAGTTCCTG AGACATTCAT GATTTGGCAT	7260
	GCGAAATCTT AATGATTTTC ATGATCTAGC GCAAGATATA TTGGCCACGT GCGGAATTGC	7320
10	GTTGCACGTT TAGACTGAAA CACTCGTGTG ACCGTAAGTG TTAATAGTAC ATTGATAGCT	7380
	GCATTTACTT CACTCATTTT TATGACTGTT AAACAATGAT TGTACCTTCA ATTAACAGTT	7440
	GGTACGATGG TTTTGCCATT TTTCATCAAC GTAAATATAA AAAGGACTAA GACACATACA	7500
15	TGTCCTAGCC CTATGGATAA AATGCAAATT TCTGCTTTAT CAAAACTATC ACACTTTAGA	7560
	TAGATTGAAA ACAAAAAGAT CCTAAGAACA CCTTAACTTT TTATTAATTG TCATAAATTG	7620
	CAAACAATTA AGCCACAATT CAAAATGAT TATACTTCAT TCAACTTATC GTGCTGGTCT	7680
20	AATTTGCCAT TGATATGGAT CTTCAAATTG TTGCCAATCT GCATCAATTT CTTGCGCATT	7740
	GACTAAGCAT GCGTCGAGTT CTTTTGTAA TTTTCTTCA TCTAATTCTG TACCAATAAT	7800
	GACAAATTGT GTATGACGAT CGCCATATTC TGGATCCCAT TCAGCTGCGA CATCTTGACG	7860
25	TTCTGCTAAT ATTTGTGTTT GTTGCGCTTC AGACATACTA GCCACCCAAT ATGTAACTGG	7920
	ATGAATATTG CAAGATGACC CTGCTTGAGA TAATAACAT GCTACGTGAT TGTATTGTGC	7980
30	TAGCCATACG ATACCTTTTG ATCGAACGAC ATTATTTGGC ATGCTTTCTA ACCAATCATT	8040
	GAACCTTTTA GCATGGAAAG GTAGACGACG TTTATATACA AACGATGATA TACCATATTC	8100
	TTCTGTTTCA GGTGTATGCG ATGCATGCCC ACCAGACTCA AGTTCCTTGA TCCATCCTGC	8160
35	TGACTCGCTC GCTTTTTCAA AATCAAAACG CTGCGTATTC AAGACTTCTT TTAAATCTAC	8220
	TTCAGAATTT GTTGTCTTAA TAATTTTAGC AGTCGTTGTC AATGCGCTTA ACATTTTTTC	8280
	TAACCTCGCT AGTTCCTTCT CACTAATTAA ATCAATTTTA TTAATAATCA ATACATCACA	8340
40	AAATTCAACT TGGTCAATTA ATAAATCAGC AATCGAACGC TCATCTGTTT CGTCAACGCT	8400
	TTGATCACGA TCCATCAATA AATCTTCTGA GTTGATGTCA TGTACGAAGC GGTTAGCATC	8460
45	CACAACTGTA ACCATTGTAT CTAAACGGCA AATCGCTGTA AGATCAATGC CAAGTTCATC	8520
	ATCAATATAT GAGAAAGTTT GTGCAACAGG TACTGGCTCT GAAATCCCTG TTGACTCAAT	8580
	AACAATTGTA TCGATGCCAC CTTTTTTCAC TAAACGCTCA ACTTCTTTTA ATAAATCGTC	8640
50	TCTAAGTGTA CAACAGATAC AACCATTAGA AAGTTCGACT AATTTTTCAT CTGTACGCGA	8700
	TAGTCCCCCA CCATCTGCGA CAAGATCTTT ATCGATATTT ACTTCACTCA TATCATTTAC	8760
55	AATTACCGCG ATACGTCGAC CTTCTCGATT TTGTAAAATA TGATTTAACA ACGTTGTCTT	8820

ACTTCAATTT ATTTGTAAAT AGGAATAATT CTGTTTTACA TTATATAGGA GCGTTTCCTC 8940  
 TTTCGCAATC TTCGATAATA AAAAAATAGT ATACTTAATT AAATTATTGA GCGCTTTACT 9000  
 5 TTATAATGGA GACAAAGATA TATCTCACGA AAGAGAATCG AGGTGTATAA ACATGTTATT 9060  
 TGTCAATTTA GTTTTATATG TTACTGGTAT TGCATTTATT CTACTCAGTG TTTTGGTTC 9120  
 AAAGACTGAA GGATTATCTA CGAAACATAC TTTATATACC ATTGGCAGTG CTATTATAAC 9180  
 10 GATTGCTATT TTCATTTCAA TTGGCTATGC CATTCAATAC TTAAGTGCAG CGCTTTATGG 9240  
 TTTGTAAGGT GAAGGTGATG AGTAACGGGT AGTTCGGGAG AGGTAACTT GCGTTGATTT 9300  
 15 TGATAAAGTG ATCATAGCTT TTAGTACTTG AGGATTTTTA TTGTTGCTGT TACGAATGTG 9360  
 GTCATGTTTA ATGCGGGACA GTAATTTAAG TTGTTTTTTT ACAATTGAGA GTGTGATATT 9420  
 TCGATTCCGT TCGAATTACT TTACATGGGA ATAATATAAA TAAAAAGAA GCGGCCTAGT 9480  
 20 GTCAGTTGTG AATATACTGA ACATTGGTCG CTTTATTTAG TAGTATGATA TGTAGTTTAG 9540  
 CTATTAATTT TTTTCAGGTC ATCCTTAATG CTGTCTATCT CAGACATGGC ACTTTTAACC 9600  
 CAATCTCCTT GAGCTGCACC TTTAAAATTA GCTTTAAAAG cTTCGCAATG TTGCGCCATT 9660  
 25 TGTTCAATTA ATACTTTTTC TTCACCTTTT AATCCGTTTT CAATATCTTT GTATTTATGC 9720  
 TTATGTTTCAG GTGCAATAAC TGTGCGAATA TTTCTTTTTT GCGCTTCCAT TTTAGATATG 9780  
 30 AGATTAAAGTG TTTCTACTGT AGTACTTATA TCTGGCATTG TTAAGGTCAT ATCTGGTTCT 9840  
 ATTAGAGTCA TTTAATCTCC TCCAAATTAT CAGTCACTTA GCTTATCTAA CTGCTTTTCA 9900  
 TAAGACTTTT TTAAGTCTTC TTTATATTCT TCTAATTTC CATTCTTGCT TTCTGA 9956  
 35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 353:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2411 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 353:

TTTCTTTTAA CAGaTTTATC cCATTAAATTG TTCTACAAGC CCACGaTGAG CAATATCATT 60  
 TTTAGCAACC ATTAATAAAC CAGAAGTATC CATATCTATA CCGTGAACAA TACCTGGACG 120  
 50 AATTTCTCCA TTAATACCTG ACAAATTTTT AATTTGATAC ATTAAACCAT TAACTAATGT 180  
 ATTGGTATAA TGCCCTGGTG ATGGATGAAC TACCATGCCT TTCGGTTTAT ATACAACTGC 240  
 AACATCGTCA TCTTCATAAT AAATATCTAA ATTTAAATTT TCAGGTAGAA TATCAGCTTC 300  
 55

	AACAACTTTA TCGTTTGCAA CGACTAAACC TGCTTTAATC CAATCTTGTA TCTGGTTACG	420
	AGACCAATCA TTATTTAATT CAGGCAGCAA CTTATCTACA CGCATACCTG TTTGTTCTTT	480
5	ATCTGTAATG TTAAATTCAT AAGTCTCCAT TACTTAACCT CCTTCTCCTT TTTATTGGAA	540
	GTATCCTTTA ATAAGGCAAT AATAATTAAT ATTACACCAA TTGTTAAACT TGAATCTGCG	600
10	ATATTAAATA TTGAAAATC ATAACCAAAA ATATTTGTAT CAATAAAGTC AACAACTTCT	660
	CCTGTTAAAA TTCTATCAAT AAAGTTTCCA AGTGACCTG CAAAAAGTAA ACTAATAGCA	720
	ACTTGCAATA ACAAATTATA TTGAGCATCT TTAATAAAGA AATATACTAA GGCTATTAAT	780
15	ATAATAATGG TAATAATAAA GAAAATGTC ATTTTTCAC TCAATATTCC CCATGCAGCA	840
	CCATTATTTT GATGTGATGT TATGTTTAAA AAGTGCGGTA TCACTTCAAA TGAATCTCCA	900
	ATTTTCATTG TAGTAGCTAT AATATATTTA GTAACCTGGT CAAATATAAC GACAAATACT	960
20	GCTATTAAAA TGGAAGTGCC AATAAAATAT TTTTGTGCA TTTTCGTTCC TCCAATCAAT	1020
	CGTCCATGAG ACAACTCTTT ATATTATAGC TTACACCTGC TAATAAAAAA AGTAAGCATA	1080
25	TTACATTAAA TCTAATGTTA CTAACCTCAAT ACTTGATAAA CTACTATGTT TTGACATTAA	1140
	ATATGAACTT AATTATTTCAT TTATCATATT TAAGATGACA TTAAAAATTA GGAAAGCAGG	1200
	CTGGAACATA AATCCCTAAA AAGACAGTAG TAAGATATTT TCTAATTAAA AATTATCTTA	1260
30	CTGCTGTTCT CTATTTATAC AATACTTCGT ATTGAATGGC TTCGCTATGC CCATCTGGCA	1320
	CATTACTGTA AAATTCTATA AATAGAATTT TTGATGATGG GTCCCTTCCT AGGGTGCCGT	1380
	CTCAGCCTCG GCTCTCGACT GGCACGTGCT CCTCAGGAGT CTCGCCATTA ATACTACGTA	1440
35	TTAACATGTA ATTTTACTTT TAAATACTTT AAAAAAATAA GACATGAATC GTCTACACTT	1500
	AATTGGACAA ATTCTATGAG AATAGATATT GTTAATTTAA GAAAGTAGGC TATTTTGAGT	1560
	TtCACTCGAA TGTCAGTTCT AGGAATAAAT AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA	1620
40	ATGGCAATTA ATATAAGGAA AATAGCAGCT CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC	1680
	AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAATTAAT AGAAATCAGC TTTTATACAT TGCCTAAGAA	1740
45	CTTAATGTCC CAAGCCCTAA AACTTGTGTG TATTTATTTG ATTTAGCAGC GATACGTTTA	1800
	TATCTTAAGT ACATAAATGC TAAAAGTATA AACCAAATCG GAATAAAATA AATTGCACGT	1860
	CTTGTATCAA CATTAATAAA TAATAACCCG AACACAAAAA TGAAGAATAC AAATATTAAG	1920
50	TAGCCCATAT ATTTGCCACC TAATAGTTTG TACGTAGCAT TTTTATGTAG ATCTGGGTTT	1980
	TTACGACTAT AATTGATATA TGCAATGATA ATCAGACCCC ATACAACCTAA AAATAACACT	2040
55	GTAGAGATGG TAGTCACATA CGTAAATACT TTTGTGCGAT CTGGGAAAAT ATAGTTTAGT	2100

TTATTCGTCT TAGAAAAGTT CGGAGGTGCT TGTYGTTGAC TTGATAAACC GaAAAAGCATA 2220  
 CGGCTATTTG AGAATATACC ACTGTTACAT GATGAAGCAG CAGCGGTTAA TACTACAAAA 2280  
 5 TTAATCAAGC CCGCAGCAAA CGGAATTCCG ATCAATGCGA ATrATTTTnC GAATGGACTG 2340  
 TTATCAGGAT CAACTTGCTG CCAAGGGGTA ATAGACATGA TAACCGCTAA CGCCCCAACG 2400  
 TnnATATTA A 2411

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 354:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 354:

GnGAATTATT TTTAATAATG AAAGGATTAC TnCATGGGT TTTTACTAGG AnTACCCAGA 60  
 AGGTCAAAAT ATTTTGTATG CGCTAAGTCA ATATGAAGTT AAGCGACGCG GCGATATGGA 120  
 25 AGAGGATCCA TCATATAAAC AACTCATTTT TATTGTTTA CTTGAAAATG AGCATGGCGA 180  
 GATATTAGTG TATGAACGAT TATCTGGCGG TGGAGAAGCT CGATTGCATG GACAATCTTC 240  
 AATAGGTGTA GCGCGTCATA TGAATGATGT TCCAGGAGCA GAATCTATTA ACGAAGTATT 300  
 30 GAGAGTTAAT GCACAGAGAG AATTAGAAGA AGAAGTAGGT TTAAGTGAGC AAGATTCACA 360  
 AAATATGGAA TATATCGGTT TTATTAATGA CGATAATAAT GAAGTGGGCA AGGTACATAT 420  
 TGGTGTGTA TTTAAATCA CTGTAAGTAC GAATGATGTA GAAGCTAAAG AAACAGATAC 480  
 35 TTTACGAATA AAATGGGTTG AAAAAGGCAA CATAGAGTCA TATGATGATT TCGAAACGTG 540  
 GAGTGCATTA ATCCTTCAAG ATTTATAATC AAACGAGGTG ACATATATGT CAGATATTAT 600  
 40 TCCAG 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 355:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 668 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 355:

TTTATTAGCA CATCCAAACT ATTCATATGT TGGACAATTT TAAACGAAC TAGGATTTAA 60

ACAATTAGAC ACTGAACATT TAGCTGATTT AAATCCAGAG CGTATGATCA TTATGACAGA 180  
 TCATGCTAAA AAAGATTCTG CTGAATTCAA GAAGTTACAA GAAGATGCAA CATGGAAAAA 240  
 5 GTTGAATGCA GTTAAAAATA ATCGCGTGGA TATTGTTGAC CGTGATGTTT GGGCAAGATC 300  
 TCGTGGCTTA ATTTCTTCTG AAGAAATGGC TAAAGAACTT GTTGAATTAT CAAAAAAGA 360  
 ACAAAAGTAA GGTGGAAGTA AATGGCTATA AAAGAAATAA GTAGCCAATC TGCCATAGAT 420  
 10 CATAAAAGAA AAAGACGCAC AACACTCACG TATATAGTGA GTTTGTGCTT TCTTTTATT 480  
 TGTATATATT TAAATATGGC GATTGGTTCT TCGAAATTA ATTTTAGCGA TATCATTAC 540  
 15 TATGTTACTG GTCATACAGA TACGAAAGCA ACGTTTTTAT TGCATAATGT ACGTATGCCA 600  
 AGGATGATTG CAGGGTTATT TATTGGCGGT GCATTAGCGG TATCTGGTTT GTTAATGCAA 660  
 GCAATGAC 668

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 356:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 356:

ATACAAAAA ACATATCGAA AATAAAGCTA AAAGAACTA TCAAGTTCCA TATTCAATTA 60  
 ATTTAAATGG TACATCTACA AACATTTTAT CGAATCTTTC ATTTTCAAAT AAACCTTGGA 120  
 35 CAAATTACAA AAATTTAACT AGTCAAATAA AATCAGTACT GAAGCATGAT AGAGGTATTA 180  
 GTGAACAAGA TTTAAATAT GCTAAGAAAG CTTATTATAC TGTTTATTTT AAAAATGGTG 240  
 GTAAAAGAAT CTTACAGTTG AATTCAAAAA ATTACACAGC AACTTAGTT CATGCGAAAG 300  
 40 ATGTTAAGAG AATTGAAATT ACTGTTAAAA CAGGAACTAA AGCGAAAGCA GACAGATATG 360  
 TACCATACAC AATTGCAGTA AATGGCACAT CAACACCAAT TTTATCAAAA CTTAAAATTT 420  
 CGAATAAACA ATTAATTAGT TACAAATATT TAAATGACAA AGTGAAATCT GTATTAAAAA 480  
 45 GTGAAAGAGG CATCAGTGAT CTTGACTTAA AATTGCGAA ACAAGCAAAA TATACAGTAT 540  
 ATTTCAAAAA TGGAAAGAAA CAAGTAGTGA ATTTAAAATC AGACATCTTT ACACCTAATT 600  
 TATTTAGTGC CAAAGATATT AAAAAGATTG ATATTGATGT AAAACAATAC ACTAAATCAA 660  
 50 AAAAAAATAA ATAAATCTAA TAATGTGAAA TTCCAGTAA CAATAAATAA ATTTGAAAAC 720  
 ATAGTTTCAA ATGAATTGT GTTCTATAAT GCAAGCAAAA TTACmATTAA TGaTTTAAGT 780



## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 357:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 534 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 357:

```

AAAGTAAAAA TAAATCTCCC TTTTAACTT TCGTTTCTGC CATAGCCATT GCTTCTTCTG      60
TGATAGTTGC TACAATATCT TTTCTTTCAC GGTAAAAATG TTCAACTTGT TCTGCTAAAA      120
ATGCAGCTTC TTCTTCGACG TCAGTCATCA ACAATTCGCa AGCTAATGAT GCGTCATCTA      180
AACGACCTAC AGCATTAAAGT CTAGGTCCAA TAATAAAACC AATTGTTTCT TCATCAATAT      240
TGTCATTGTA TCCCGCTTCT TTTAGCAATG CTTTAACAGA GGTCCGACAT TGATCATTTA      300
AGACTTTTAA TCCTTGTC TC ACTAATGATC GATTTTCATC AGTTAAGGAT ACTAAATCCG      360
CAATGGTACC TATCGCAACT AATGCTTTAA AATAATCAGG TACATTTtCA ATCAATGCTT      420
GTGCTAATTT GTATGCAACA CCTGCACCAC ACAATTGTTG GAACGGATAA TTAAACGATG      480
GATGCATTGG ATGTACGATT GCATATGCTT CTGGTAATGT ACTACCAATT TCAT          534

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 358:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3621 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 358:

```

GGTGAGTCAA ATTAAATGAA TCTAATAAGT CATAACTATC TATTTGTAAT GTGCAACGCT      60
TAACGCATAT ACAAATGAA TGTGCTGATA ATGATTTACT CAAATTAAAA GGTGATTTTT      120
ATTCAATGAT GAATGAAAGT TGCCTTTTTTA TTTTGGTAA AAGTTAATGC GTCAGTGAAT      180
TGTGTAAGTT TTTCAAAAAG TAAAAAGAAA TAATAAAGGT GAATTATTAG AATTCCArAA      240
ATAATTCATT ACATTCATAA AGCATTTTAC AAATGGTAAG AAAATGAGTG TTACAAATCT      300
AAATATTGCA AAAGAAGCTG ATTTAGTCAC AAAAAATGTC CTATGTAATA ATTCGAGAAA      360
GATGCACTAT ATACGGTCTT CTTACTATT C AAATGTAAAA GTTGCTTATT TGCGTGGCTT      420
TTTGTTTTAT AAAAGTATAA AATTTTACTA TAATATATCT TGTAGAGAAC AATGAAATGA      480

```

	ATAGCAAAC	GTATTACTTT	GATACAAAA	TGGTTGTAAT	AAATATTTAT	CGATATGACG	600
	ACTTGAATAT	GATAAAGTGA	CATATTTATG	TATATGACTA	TTTCGCAAAA	TGTAATCGAG	660
5	GTAGAATTTT	TTGACAATTC	TGTCAGTTTA	TAAGATGTTA	TAAATATGTA	GTGTATAAGG	720
	AGGCAAACAA	GATGACTGAA	GAATTCAATG	AATCAATGAT	TAACGATATT	AAAGAAGGTG	780
	ACAAAGTCAC	TGGCGAGGTA	CAACAAGTTG	AAGACAAGCA	AGTTGTTGTT	CATATCAACG	840
10	GTGGTAAATT	TAATGGGATT	ATTCTTATTA	GTCAACTATC	TACGCATCAT	ATTGATAGCC	900
	CAAGTGAAGT	TGTAAAAGAG	GGCGACGAAG	TTGAAGCATA	TGTCACTAAA	GTTGAGTTTG	960
15	ATGAAGAAAA	TGAAACTGGA	GCTTACATCT	TATCTAGAAG	ACAACTTGAA	ACTGAGAAGT	1020
	CTTATAGTTA	TTTACAAGAA	AAATTAGATA	ATAATGAAAT	CATCGAAGCG	AAAGTAACAG	1080
	AAGTAGTTAA	AGGTGGTTTG	GTTGTTGATG	TAGGACAAAG	AGGTTTTGTT	CCGGCTTCAC	1140
20	TAATTTCAAC	AGACTTCATT	GAGGATTTCT	CTGTGTTTGA	TGGACAAACA	ATTCGTATTA	1200
	AAGTTGAAGA	ATTGGATCCT	GAAAATAATA	GAGTCATTTT	AAGCCGTAAA	GCAGTTGAAC	1260
	AAGAAGAAAA	CGATGCTAAA	AAAGATCAAT	TATTACAATC	TTTAAATGAA	GGCGATGTTA	1320
25	TTGATGGTAA	AGTAGCGCGT	TTAACTCAAT	TTGGTGCATT	TATAGACATT	GGCGGTGTTG	1380
	ATGGTTTAGT	GCATGTATCT	GAACTTTCTC	ACGAACATGT	TCAAACACCA	GAAGAAGTAG	1440
	TTTCAATTGG	TCAAGATGTT	AAAGTTAAAA	TTAAATCTAT	TGATAGAGAT	ACAGAACGTA	1500
30	TTTCATTATC	AATCAAAGAT	ACGTTACCAA	CACCTTTCTG	AAATATTAAA	GGTCAATTCC	1560
	ACGAAAATGA	TGTCATTGAA	GGTGTCTGAG	TAAGATTGGC	AAACTTTGGT	GCATTTGTTG	1620
35	AAATTGCACC	AGGTGTACAA	GGACTTGTAC	ATATTTCTGA	AATTGCACAC	AAACACATTG	1680
	GTACGCCAGG	TGAAGTGTTA	GAACCTGGTC	AACAAGTAAA	TGTTAAAATA	TTAGGTATTG	1740
	ATGAAGAGAA	TGAAAGAGTA	TCCTATCTTA	TTAAAGCAAC	ATTACCAAAC	GAAGATGTTG	1800
40	TTGAAAGTGA	TCCTTCTACG	ACTAAGGCGT	ACTTAGAAAA	CGAAGAAGAA	GATAATCCAA	1860
	CAATTGGCGA	TATGATTGGT	GATAAACTTA	AAAATCTTAA	ACTATAATTT	AATATTTAAT	1920
	AGTCAACTCC	ACATGTTTAT	GATTGcATGT	GGAGTATTTT	TATGTAACAA	AATATACTCG	1980
45	GAATGATAAC	GTGGgACAAA	TTTAACTAAG	TGTTTAAAAA	GATArAGTTT	TAAGTGcGa	2040
	tTTTTATCAT	TACAGTAATA	AACTCATTTT	GAATACACAG	TCTCATGTGA	TATTATTAAA	2100
	AAGATATaAG	AAAGAGAGGA	AGTTAGCTTA	TGACTAAACC	TATAGTAGCT	ATTGTAGGTA	2160
50	GGCCTAATGT	AGGTAAATCT	ACAATTTTTA	ATAGAATAGT	TGGAGAACGT	GTTTCGATTG	2220
	TGGAAGACAC	GCCAGGTGTA	ACACGAGATC	GTATTTATTC	TTCAGGTGAA	TGGTTAACAC	2280

55

AAATTAGAGC GCAGGCAGAA ATCGCCATAG ATGAAGCGGA TGTATTATT TTTATGGTTA 2400  
 ACGTGCCTGA AGGATTGACA CAAAGCGATG AAATGGTCGC TCAAATTTTA TACAAATCTA 2460  
 5 AAAAACCGGT CGTATTAGCG GTTAACAAAG TAGATAATAT GGAAATGCGT ACAGACGTGT 2520  
 ATGATTTCTA TTCATTAGGA TTTGGTGAAC CGTATCCGAT ATCAGGGTCA CATGGTTTAG 2580  
 GTCTTGGTGA CTTGTTAGAT GCAGTTGTTT CTCATTTTGG TGAAGAGGAA GAAGATCCTT 2640  
 10 ATGATGAAGA TACAATTCGA CTATCCATTA TTGGACGACC AAACGTAGGT AAATCAAGTT 2700  
 TAGTAAATGC TATTTTAGGT GAAGATCGCG TTATCGTTTC TAATGTTGCA GGGACAACGA 2760  
 GAGACGCTAT TGATACAGAG TATAGTTATG ATGGACAAGA TTATGTTTTA ATCGATACTG 2820  
 15 CTGGTATGCG TAAAAAAGGA AAAGTATATG AATCAACTGA GAAATATTCA GTATTAAGAG 2880  
 CTTTAAAGC GATTGAACGT TCAAATGTTG TTTTAGTGGT CATAGATGCA GAACAAGGCA 2940  
 20 TCATTGAACA AGATAAACGT GTTGCAGGAT ATGCACATGA ACAAGGTAAA GCAGTCGTGA 3000  
 TTGTCGTAAG TAAATGGGAT ACTGTGGAAA AAGATAGTAA AACGATGAAG AAATTTGAAG 3060  
 ATGAAGTACG TAAAGAATTC CaATTTTAG ATTATGCACA AATTGCTTTT GTGTCTGCTA 3120  
 25 AAGAACGCAC AAGATTACGT ACATTATTCC CTTACATCAA TGAAGCAAGT GAAAACCATA 3180  
 AAAAACGTGT TCAAAGTTCA ACTTTAAATG AAGTTGTTAC TGATGCAATT TCCATGAACC 3240  
 CTACACCAAC AGACAAAGGT AGACGTTTGA ATGTCTTTTA TGCAACACAA GTTGCTATAG 3300  
 30 AACCACCGAC ATTTGTTGTA TTTGTTAATG ATGTAGAATT AATGcATTTT TCTTATAAAC 3360  
 GCTATTTAGA GAATCAAATC CGTGCCGCTT TTGGTTTTGA AGkTACACCA ATTCAATTA 3420  
 35 TAGCTCGAAA GAGAAATTAA CGATTGGGGG ATAACAATGA CTAAAATTAC CGTTTTTGGT 3480  
 ATGGGAAGTT TTGGGACAGC CCTTGCCAAT GTTCTTGcAG AAAATGGACA TGATGTTTTG 3540  
 ATGTGGGGTA AAAATCAAGA TGCTGTTGAT GAATTAAATA CATGTCATAC AAATAAAAAG 3600  
 40 TATTTAAAT ACGCGAAATT A 3621

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 359:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 643 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 359:

CTTTcGGAAA TTAGGATCnG nGCTATCTTG GCCCAATTA CCAAGGGAAC TAnTGGCACC 60

AATGCTCTT TCATCTCCAT GCCCTGTTGC TCATTATTAA TAACACGGTC TATTAACACA 180  
 ATGGCATTG TTACTACGAT TCCAATTAAC ATTAGCATAC CAATTAAACT TGGTACTGAT 240  
 5 ATTGTTTCTC CTGTGATTAA TAGTGCAATA ATTACACCGA TAACTGTAAA TGGTAAAGAG 300  
 AATAAAATTG TAAATGGTGC TAGGCCACCT TTAAATGTAA TAACTAGGAT TAAATATACG 360  
 ATAATGATTG CAGCTAACAT TGCAAAGGCT AATTGTGTCA TTGCATTGTT AATATCATCT 420  
 10 GATGCACCAC CGATATTAAC CTTTACATTA TTCGGTTTAT CCAAATTATT TATTTTAGAC 480  
 ATCACTTGTC GTGTGTGCC ACCCACAATCT TTATTTGTGA CTTTAGCAGA TACCGTCGTT 540  
 15 GCATAATCTC CTGTCTCTG CGTCAATTTA CTGGGTGTCG TTGTTTTAAC TAACGTAGCG 600  
 ATATCTCCCA ATTTAATCGT ACCACCAGTC GGCTTTTCA AAG 643

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 360:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2524 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 360:

TTTCCAGGCG TGCAAGGGCT TTTCTTTTG CTTTAAAGAT TATGATTAT CGTGCAAAGT 60  
 30 TAAGTGGTCG TATATAGTTT TAGTTTTAAA AAGGTAATTA AATAAAATAG TTTGCCGAGG 120  
 GAGATGTCAA AATGATTAAA ATACCTAGAG GGACGCAGGA TATTTTACCT GAAGATTCAA 180  
 35 AGAAATGGCG TTACATTGAA AATCAATTAG ATGAATTAAT GACATTTTAT AATTATAAAG 240  
 AAATAAGAAC ACCAATTTTT GAAAGTACAG ATCTTTTTGC AAGAGGTGTT GGTGATTCAA 300  
 CCGATGTCGT AAAAAAGAA ATGTATACAT TTAAAGATAA AGGCGATAGA AGTATTACAT 360  
 40 TAAGACCTGA GGAACAGCT GCAGTTGTGC GTTCATATAT TGAACATAAA ATGCAAGGTA 420  
 ATCCAAACCA ACCAATTAAA CTTTATTACA ATGGACCGAT GTTTAGATAT GAACGTAAGC 480  
 AAAAAGGACG CTATCGTCAA TTTAATCAAT TTGGTGTAGA AGCTATTGGT GCTGAAAATC 540  
 45 CTAGCGTAGA TGCAGAAGTA TTAGCTATGG TTATGCATAT TTATCAATCA TTTGGATTAA 600  
 AACATTTAAA GCTTGTATT AATAGTGTAG GGGATATGGC GTCTCGAAAA GAATATAACG 660  
 AAGCGTAGT GAACACTTT GAACCAGTAA TTCATGAATT TTGTTGAGAT TGTCAATCAC 720  
 50 GTTGCATAC AAATCCGATG CGAATTTTGG ATTGTAAAGT AGACCGTGAT AAAGAAGCGA 780  
 TTAAGACTGC ACCTAGAATC ACTGATTTCT TAAATGAGGA ATCTAAGGCA TATTATGAAC 840

## EP 0 786 519 A2

	GTGGATTGGA TTATTATACA CATACAGCAT TTGAATTAAT GATGGATAAC CCTAACTATG	960
	ATGGTGcCAT TACAACGCTT TGTGGTGGTG GCCGTTATAA TGGTTTATTA GAATTGCTAG	1020
5	ATGGTCCAAG TGAAACAGGT ATTGGTTTTG CGCTAAGTAT AGAACGATTA TTGCTTGCAC	1080
	TTGAAGAAGA AGGTATCGAA TTAGATATTG AAGAAAACCT AGATTTATTC ATTGTTACAA	1140
	TGGGTGATCA AGCAGATCGA TATGCTGTGA AGCTATTAAA TCATTTGAGA CATAATGGTA	1200
10	TTAAAGCAGA TAAAGACTAT TTACAGCGTA AAATTAAAGG ACAAATGAAA CAAGCAGACC	1260
	GTTTAGGTGC CAAGTTTACA ATCGTTATTG GTGATCAAGA ATTAGAAAAT AATAAAATCG	1320
15	ATGTTAAAAA TATGACAACT GGTGAATCTG AAACAATTGA ATTAGACGCA TTAGTCGAAT	1380
	ATTTTAAAGAA GTAGAGAGGG CGTTAAATA TGAGTAAGAG AACAACTTAT TGTGGATTAG	1440
	TTACTGAGGC ATTTTTAGGA CAAGAAATTA CATTAAAAGG ATGGGTTAAC AATCGTCGTG	1500
20	ACCTTGGTGG ATTgATTtC GTTGATTtAA GAGATAGAGA AGGAATTGTA CmAGTCGTGT	1560
	TTAATCCTGC ATTTTCAGAA GAGGCaTTGA AAATTGCTGA AACAGTACGT TCTGAATATG	1620
	TTGTAGAAGT TCAAGGTACA GTTACGAAGC GTGACCcTGA AACAGTTAAT CCTAAAATTA	1680
25	AAACTGGCCA AGTTGAAGTA CAAGTTACAA ATATTAAAGT GATTAAATAA TCTGAGACAC	1740
	CACCATTTTC TATAAATGAA GAAAATGTTA ACGTTGATGA AAATATTGGA TTAAAATACC	1800
	GTTATTTAGA TTTACGTCGT CAAGAGTTAG CGCAAACATT TAAATGAGA CATCAAATTA	1860
30	CACGTTCTAT TCGTCAATAT TTGGATGATG AAGGGTTCTT TGACATCGAA ACACCAGTAC	1920
	TAACGAAGTC AACACCTGAG GGTGCACGTG ACTATTTAGT ACCATCTCGT GTTCATGATG	1980
35	GTGAATTTTA TGCATTACCA CAATCACCAC AATTATTTAA GCAATTATTG ATGATTAGTG	2040
	GATTTGACAA ATACTACCAA ATCGTAAAAT GCTTCCGTGA CGAAGATTTA CGTGCAGATC	2100
	GTCAACCTGA ATTTACACAA GTCGATATTG AAATGAGTTT TGTAGACCAA GAAGATGTGA	2160
40	TGCAAATGGG TGAAGAAATG CTTAAAAAAG TTGTTAAAGA AGTTAAAGGC GTTGAAATTA	2220
	ATGGCGCTTT CCCACGCATG ACATATAAAG AAGCGATGCG TCGCTATGGT TCTGATAAAC	2280
	CAGATACACG TTTTGAAATG GAATTAATTG ACGTTTCTCA ATTAGGACGT GATATGGACT	2340
45	TTAAAGTATT TAAAGATACT GTTGAAAATG ATGGTGAAAT TAAAGCAATT GTCGCTAAAG	2400
	GTGCAGCTGa ACAATATACT CGTAAAGaTA tGGGaTGCTT TAACAGAATT TGtaAACaTC	2460
50	ymTGGtGCTA AgGtTAGCGT GGGGTAAAG TTGTGGGAAG GTGGTTTTGA CAAGGTCCCA	2520
	ATGG	2524

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 361:

55

(A) LENGTH: 1507 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 361:

10	TCGTTGAGTA AAAGTCCAGA AAATTGGATG AGTAACTTG ATGATGGAAA ACATTTAACT	60
	GAGATTAATA TACCGGGTTC ACATGATAGT GGCTCATTCA CTTTAAAGGA TCCAGTAAAA	120
	TCAGTTTGGG CAAAGACTCA AGATAAAGAT TACCTTACCC AAATGAAGTC GGGAGTCAGG	180
15	TTTTTTGATA TTAGAGGTAG AGCAAGTGCT GATAATATGA TTCAGTTCA TCACGGCATG	240
	GTTTATTTGC ATCATGAATT AGGAAAATTT CTCGATGATG CTAAATATTA CTTGAGTGCT	300
	TATCCAAACG AAACAATTGT GATGTCTATG AAAAAGGACT ACGATAGCGA TTCTAAAGTT	360
20	ACGAAGACAT TTGAAGAAaT TTTTAGAGAA TATTATTATA ATAACCCGCA ATATCAGAAT	420
	CTTTTTtACA CAGGAAGTAA TGCGAATCCT ACTTTAAAG AAACGAAAGG TAAAATTGTC	480
25	CTATTCAATA GAATGGGGGG TACGTACATA AAAAGTGGTT ATGGTGCTGA CACGTCAGGT	540
	ATTCAATGGG CAGACAATGC GACATTTGAA ACGAAAATTA ATAATGGTAG CTTAAATTTA	600
	AAAGTACAAG ATGAGTATAA AGATTACTAT GATAAAAAAG TTGAAGCTGT TAAAAATTTA	660
30	TTGGCTAAAG CTAAAACGGA TAGTAACAAA GACAATGTAT ATGTGAATTT CTTGAGTGTA	720
	GCGTCTGGAG GCAGCGCATT TAATAGTACT TATACTATG CATCACATAT AAATCCTGAA	780
	ATTGCAAAAA CGATTAAAGC AAATGGGAAA GCTAGAACGG GTTGGCTGAT TGTGACTAT	840
35	GCAGGATATA CGTGGCCTGG ATATGATGaT ATCGTAAGTG AAATTATAGA TAGTAATAAA	900
	TAAGGATTCA ATAATGATAT TAAGACGAGT ATGAAAATAG TTAGATTCTA ATTATTTTCA	960
40	CTACTCGTTT TTATTTTGAA AATAAGTAAT AATTCAACAA TATTATAAAT TGAACAGATT	1020
	GTTTGTGAAA TTTTGTGATA TATTAAAGTG AAAAAGTGTT ATAAATTGAT AAATATATGT	1080
	AATTAACAAA AACAAATCAT TTTAAAAAGA AGAGAGTTGT AAGATGATGa AACGATTAAA	1140
45	CAAATTAGTG TTAGGCATTA TTTTCTGTT TTTAGTCATT AGTATCACTG CTGGTTGTGG	1200
	CATAGGTAAA GAAGCGGAAG TTAAGAAAAG CTTTGAAAAA ACATTGAGTA TGTACCCTAT	1260
	TAAAAATCTA GAGGATTTAT ACGATAAGGA AGGCTATCGT GATGATCAGT TTGATAAAAA	1320
50	TGATAAAGGT ACATGGATTA TAAATTCTGA AATGGTTATT CAACCTAATA ATGAAGATAT	1380
	GGTAGCTAAA GGCATGGTTC TATATATGAA TAGAAATACC AAAACAACAA ATGGTTACTA	1440
55	mTATGTCGAT GTGACTAAGG ACGAGGATGA AGGAAAACCG CACGACAATG AAAAAAGATA	1500

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 362:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1216 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 362:

TACATGTTTC GGATGCTACT TTATTAGTT TGAAGGGTGC ATTATGGACG TTAGCGCAAG	60
AAGTTTATCA AGAATGGTAT TTAGGATCGA AGTTGTATGA AGATGTTGAA AAGAAAATAG	120
CACGAACTAC TTTTAAGACA GGTATATTT ATCAAGAAAT TATTTTGAGA CCAGTAGATG	180
AAGTTAAGGT ACTTCTGAAT GATTTAAAAG GTGCTGGTTT CGAATTAGGT ATTGCAACAG	240
GTCGTCCTTA TACTGAGACT GTTGTGCCAT TTGAAAATTT AGGATTGTTA CCATATTTTG	300
AAGCTGATTT TATTGCAACA GCAAGTGATG TTTTAGAAGC AGAGAATATG TATCCGCAAG	360
CACGACCATT AGGAAAGCCG AATCCTTTTA GTTATATCGC AGCTTTATAT GGTAATAATC	420
GCGATAAATA TGAATCTTAT ATCAATAAGC AAGATAACAT TGTAATAAAA GATGACGTAT	480
TTATAGTAGG CGATTGTTA GCTGACTTAT TAAGTGCTCA AAAAATAGGT GCAACGTTTA	540
TTGGAACATT AACAGGTTTA AAAGGTAAGG ATGCTGCAGG TGAGTTAGAA GCGCATCATG	600
CCGACTATGT TATTAATCAT TTAGGTGAAC TTAGAGGTGT ACTAGATAAT TTGTAATTG	660
ATTGTTGTTT GACAGCATAA CTTGTAGTGA ATGATTGAAC CAAAGGTTTC ATATTGAGTT	720
ACAATGAAAT TAATAATGAA AAAATGCCAA GAAGCAATGG AAGTAATCCA ATGTCTTCTT	780
GGCATTTTGA ATTTACATAA ATTGTTTATG ACTGTACCGT CAATTCAGTT GTGAAAATTT	840
GATTGTATTC ACCAACTTGT TTAAGTTCAT CAATTATATT GTTGAAACA GGTGATCAA	900
CGGATAAAAT CATTAGCGCA TCTCCGCCCG CTTGAGTTCT ACCTAAAGTC ATAGATGCAA	960
TGTTGATATT GTATTTACCT AACAATGCGC CAGTTTTTCC TACCATACCT GGAGTATCAT	1020
TATGATATGA CACAATTGA TATTGATTG GCTTAAAGTC TACAGAAAAA TTATTAATTC	1080
TAACAATTCT TGGACCGAAA CCTGTAAAGA CAGAAGCGCC AACTTTAACG GAATCGCAT	1140
CGTTGATAG TTCTACCTCT AAGTAGTTAC TAAACCTGT CTCTGCTTTA TTATTTTCAA	1200
TATTTAATGT CACTTG	1216

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 363:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 867 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 363:

	ATCAAAATAT TTTAAATAAT ATTGATGGTC ACATTGTAA TTTAATAGAA AATAAATTG	60
10	ATCAAATATT ACAAGAACCA TTAAATCCAT TAAATTATGA TACTGTCAGT GGATTAGCTG	120
	GGATAGGGAG ATATTGCTA AATAGAGTAG ATGAGAATGA ATTTAATGTT AAAGCATTAA	180
	AAAGCATATT AGTATACTTT AAAGATATTC AATATTCTAA AAATAGCTGG GTAGTCCCAC	240
15	AAGATAGTCA ATTTTGTAGAG TCTGATAAAA ATTATTTTAC TGAAGGTAAT ATCAATCTTG	300
	GCCTGCGACA TGGaGTGCTA GGACCGATGT CTTTATTTGC ATTATGCGTG ATTAAAGGAA	360
	TTACGATTGA AAATCATCAG CACATATTAA AAGACATGTA CAAATTTATC ATGGACGAAA	420
20	AATTTTGTA CCACGAAAGA TGGTTGCAGC GTTACGATTT AATTTCTGAA CGTAATCATT	480
	TCAATTTTAT TCGGAATGGT TGGTGTATG GCAATACGGG TGTAAATGACG ACGTTGTTTT	540
	TAATCGGCCA AGCATTACAA GATGATGAAA TAATTAAAT GTCTAAAAAA GTGATGCTAC	600
25	AAGTACTAAA TGATAAAGAT GAAAATTTAA TAAGTCCAAC TATTGTGCAT GGATTGTCAT	660
	CACAAATATT AATGTTAACA ATTATGAATT TGAATTTTGA ATTAAATGAA GTGTCTGATT	720
30	ATATCACTGT ATTAATAAAT AAATGATTT CTCATTATAA GGAAGATTAT CTGGTGAATT	780
	TTATAGACAT TAATGAAAT AAGCAAGATG TATTTAAAG TAGGAAAGTT GGCCTTTTAG	840
	AAGGTGAATT AGGGGTCATC TAACATT	867

35

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 364:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 10813 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

40

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 364:

45

	TACCTTTTCT TtTAAATCAT TTTATATTTT CCCaCTAATA TCCGcTGcTA ATCaATCCTG	60
	ACATCctTGT ATCaCTATGA CAATTAATTG TTAAATACAT GAATTTCTAC ATTTTATGAA	120
50	AAAATCCATT TTTATTACAA TTCAACACTT TATATGACAA CTTCAATTACA GTTACTTTTA	180
	TTGTTGATTG CTTACATTGT TTTCTAAAAA AAATTTGTTA TCATAATTAA CGTTGAATAA	240
	AGAAAAAAT TAACCTGGGA GATAAAAAATG GAATATAAAA AGATACTAAT TCGTTTATTA	300

55



	CAATCGCATG CCGCAGTTAA TTATTATAGT AAAAACCAAT GTACATGGTG GGCATTTAAA	420
	CGTCGCGCAC AAGTCGGTAA ACCTGTTTCT AATAGATGGG GCAATGCTAA AAATTGGTAT	480
5	TACAATGCAC GTAAATCAAA ATATGCGACT GGTGCTACAC CAAGAAAATT TGCTGTCATG	540
	CAATCAACTG CAGGATATTA TGGACATGTC GCAGTTGTTG AACAAGTATA TAAAAACGGT	600
	AGTATTAAAG TTTCAGAATA CAACTTTTAT CGCCCATTA AATACAATAC ACGTGTACTA	660
10	AGCAAAAAGG CAGCACGTAA CTTTAACTAT ATTTACTAAT CAAAAAACTT CTATCACGAA	720
	CGCTTCAATT TCCTGTATGC GTGTGATAGA AGTTTTTATT TTATGAAATT ATATTATTAC	780
15	TTCTACAAAT TTCAAATTGC CGTAATTGAA CGTATATTTT TTCTTCAACT ATTATTTTCAT	840
	CTTTAGCATA ATCTATATAT AAAATTTTAT GCTATTATTT AAATAATTCTG CTATAACTTA	900
	ACATACGTTT TCGATATAAA CCTTGTCTTA AATCTCAATA ATTTTTTGCT GTTTTCATCG	960
20	TCATTAGTTA AAAAAATAAT TTAAGTGAGT TTTTGAGACC TGTTTAAATT GATGACTCAA	1020
	AACCTTTATC CCCTTTTCAC TCGGTTTAAT TGCTTTAATA TTAAACACAG TCTCATTGTA	1080
	ATTTTGCTAC TAAGTTTGAA ATATTTTCGAT TCGAATGTGA AcATCATTTA TTATTACTTT	1140
25	CGACAGCTAG AAAAATATTG TTAAACCAAA ACTATAATTA CCACTTTAT ATAGAACTAT	1200
	ATATAAATTT TAACTTTGAG ACAGAACTGC TAGTCAGGTT TATGAATATA TTTCTTTAGT	1260
	TTACTTGaTA TACTTATTGG TAAATCATT TTTATTGAA GAGCATTTAT AACAAAAAGT	1320
30	ATAATCCAG TTATAGCGAT TCCATGACCA TTTTATCAG TCAAAGATTC ATCAACAAAA	1380
	ACTTTTTGAT AAATTTTATAT ATTTGTATAA TTTATTATGG TAGATATCTA CACCCGTATC	1440
35	TATAACAGCT ACAGTTATCA TTGCGTCTTA TCCAAATAGT TTTAAGAAA TAAATATAAT	1500
	TCATTAATAT CATGGCTATT TGTAACGTCA GtGCTTaAGA CCTTGTCAAT TATTGTTTTA	1560
	TCTGTTTCTA AGAGCCCCTG ATTTTCTGCA TACATATTTT GTATATCGCT GTTAATCTCA	1620
40	TTTAATTTTT TAAATTTTTT TCTAACCTTT TTCAAATAA AATGCTCTTT AATCCATCT	1680
	CTTAAATACA TATAAATCTC TATTATAATC TCCATAAATG TCATATCTCC TCTCTCAAAA	1740
	AACATTATAC TCAATATATT AAAAATAAGA AAGGTTTTTT CAGAATTTTT AGTATTTTCA	1800
45	GATATTTATT CTTAAGTATC TTATTATTAC TTCTTTTTAA CGCTAGTGGA ATAATTAATA	1860
	ATAATTGTAT TTAAATGCAA TGCTGTTGTT CTTCATACT TACAAGCAAG TCATAAGAAA	1920
	TGAGAAATTA AATTCTTATA TGATGAATAA ATGATGACTG CAGAAGAAAT TGCTAAAAAA	1980
50	GGAGTGGAGT GAGGCATTCT ACTGTTTATA TTGTTAACA ATATCAAAAT GATAGGAACT	2040
	TGAAGAATCT AAGACTGTTA AAATCGAGAC AAGAAGAAAC TCGTTCCAAA TTTGAATCCT	2100

55

AAAACTTCTA TCACGAACGC TTCAATTTCC TGTATGCGTG TGATAGAAGT TTTTATTTTT 2220  
 GTTCATATTA ATTTATCTAA GCGCTACGAT GGaCTGACTT AAACTTTTCT TTAaaATCGC 2280  
 5 TATTCGCCAT TTACTATTGT TGTCTAATTT CTTGTAAAAT ATGTTCCGCT GCTTGTGTAT 2340  
 TTGCACGGGG TTCTTTTTTC AAAGCTTCAG CTACTTTAGC AATTTTCATCA CCTTTTGCCC 2400  
 CTACAACGAT AGCTAATGAT TTATATTGTA AACTCATATG ACCTTGTTGA ATACCTTCTG 2460  
 10 ACACAAGCGC GCGACATGCT GCAAAGTTTT GCGCTAAACC AACGGCAGCA ACTACATGAC 2520  
 CTAATTCCTG TGCTGACTCT ACATTTAGTA GCTCTAATGA AGCTTTAGCA ATTGGTAATA 2580  
 15 CTTTGTACC ACCGCCAACG ATTGCCAATG TCATAGGCAC TTCAATTGTA CCAATCAATC 2640  
 GTTGACGATC TTGATCGTAA CGCCATGTAG CAATACCAGC ATACTGTCCG TCACGACTCG 2700  
 CGTATGCATG CGCACTTGCT TCTGCACCAC GCGTATCATT TCCTGTTGCT AAAACAACAG 2760  
 20 CATGTATGCC ATTCATAACA CCTTTATTAT GTGTTGCTGC ACGATGAATA TCTACTTGGG 2820  
 CCAATACAGA AGCAGTTTCC ATTCGTTTGG CAACCTCTTC TCCAGTTCTC TCGCCCCCTG 2880  
 CTAAATCTTT AACATCAATT TCGCCTTGAA CTTTAAACAAC GGACGCTGTT GCATGATTGG 2940  
 25 ATAAAATACT CATTAAAATG TCGCTTTGCG GAAATTCATT TTTTAAAAAT GCAGTTATGG 3000  
 CCTCTAAAAT CGTATTAAGC ATATTAGCGC CCATAGCATC TTTCGTATCA ACAAATACTT 3060  
 TTAAAGATAG TAACTGTTGC TCAGGAAATG TATCAATCGC TATACGTTGG TAACCACCAC 3120  
 30 CACGCGCTTT AATAGAAGGA TATGCCTCAT CCGCAATTTT ATGAATTTGC TTTTCTAAAG 3180  
 CTTTAATGTC TGCTGATAAT TTTTCAGTAT CGTCAACGCC ATCAAAGACG ATTTGACCTA 3240  
 TCATAATACG TTCAGAAGAT ACCGTTTTAA ATCCGCCAGT CTGATTCAC T AGCTTTGCAC 3300  
 35 CATAACTAGC TGCAGCGACA ACTGAAGGCT CTTCCACCAT CATAGGTACA ACATATGCCT 3360  
 TATCGTCCAC AATGATATTC GGTAATAATC CAACGGGTAA TGCACCTTGC GCGATGACAT 3420  
 40 TTTCAATTAA ACTATTGGCT ACTTCTTCAT CGATTAATGG ATGATTCAGT AAAATGTGCA 3480  
 ATTGTTCTTC TGATAACCAT TGCTTATCAA CCAATTGTTG TAACTTTTCT TTACGAGATA 3540  
 AATGTCGAAA ATTCTTATCT AAATTTTGCA TGGACGTACT CCTTTTACTT CACATAATTT 3600  
 45 TTAACATTTT AATCACTACT ATTTTACCA CAAAATAACG TCATTCGTCT TAAAATTCAA 3660  
 TTGAATAATT GTCGTTTGA CTTTAAAATA AAACAAGGTA AATTAAAACG CTTACAAGAA 3720  
 ACGACAAATC ATTTTAAAT TTAGTATATT TCTTTGTATA AAATTAGCAT ATTCTGATAT 3780  
 50 GATACAAGTG TTGCTTTTAT AAATTTGAAA GGATGTAAAA CCTTATGACA ATAGGTATCG 3840  
 ATAAAATAAA CTTTACGTT CCAAAGTACT ATGTAGACAT GGCTAAATTA GCAGAAGCAC 3900

55

	CTGTAAACCA AGACATCGTT TCAATGGGCG CTAACGCTGC TAAGGACATT ATAACAGACG	4020
	AAGACAAAAA GAAAATTGGT ATGGTAATTG TGGCAACTGA ATCAGCAGTT GATGCTGCTA	4080
5	AAGCAGCCGC TGTTCAAATT CACAACTTAT TAGGTATTCA ACCTTTTGCA CGCTGCTTTG	4140
	AAATGAAAGA AGCTTGTTAT GCTGCAACAC CAGCAATTCA ATTAGCTAAA GATTATTAG	4200
10	CAACTAGACC GAATGAAAAA GTATTAGTTA TTGCTACAGA TACAGCACGT TATGGATTGA	4260
	ATTGAGGCGG CGAGCCAACA CAAGGTGCTG GCGCAGTTGC GATGGTTATT GCACATAATC	4320
	CAAGCATTTT GGCATTAAAT GAAGATGCTG TTGCTTACAC TGAAGACGTT TATGATTCT	4380
15	GGCGTCCAAC TGGACATAAA TATCCATTAG TTGATGGTGC ATTATCTAAA GATGCTTATA	4440
	TCCGCTCATT CCAACAAAGC TGAATGAAT ACGCAAAACG TCAAGGTAAG TCGCTAGCTG	4500
	ACTTCGCATC TCTATGCTTC CATGTTCCAT TTACAAAAAT GGGTAAAAAG GCATTAGAGT	4560
20	CAATCATTGA TAACGCTGAT GAAACAACCTC AAGAGCGTTT ACGTTCAGGA TATGAAGATG	4620
	CTGTAGATTA TAACCGTTAT GTCGGTAATA TTTATACTGG ATCATTATAT TTAAGCCTAA	4680
	TATCATTACT TGAAAATCGA GATTTACAAG CTGGTGAAAC AATCGGTTTA TTCAGTTATG	4740
25	GCTCAGGTTT AGTTGGTGAA TTTTATAGTG CGACATTAGT TGAAGGCTAC AAAGATCATT	4800
	TAGATCAAGC TGCACATAAA GCATTATTAA ATAACCGTAC TGAAGTATCT GTTGATGCAT	4860
	ATGAAACATT CTTCAAACGT TTTGATGACG TTGAATTGTA CGAAGAACAA GATGCTGTTT	4920
30	ATGAAGATCG TCATATTTTC TACTTATCAA ATATTGAAAA TAACGTTTCG GAATATCACA	4980
	GACCAGAGTA GTCGGTGTAT TTAAACACA TATAATAAAA CCTAAAAGCA GCAGTAAGAC	5040
35	CACTTCTAAT TGAAATCGTC TTAGTGCTGT TCTCTATTTA TAACACTTCG TATTGAATGA	5100
	ATTCATTATG CCTATTTGAC ACATTATTGA AGTTTTTCCTA ATGCCTGGAT CCTTTATACG	5160
	TTACGGCTTC GTGCTATGTT TTGGTACATA AAGCTTTGAC ATATCGATAT TCTCCAACCT	5220
40	TAACAGCTTA ATTTTATTAT TAATCGTTCC ACCGAACCCT GTTAAGCTAC CCGTTTTTACC	5280
	GACAACACGA TGACATGGCA CGATAATAGA TAATGGATTA CTTCCGACTG CACCTCCAAC	5340
	CGCTTGGGCT GACATTTTTG GCTTGTTAAG CAGCTTGCCT ACTTTTTTGG CAATAGCACC	5400
45	ATACGTTGTT AGAGTCCCAT AAGGAACCTG TCTTAATTCA TTCCAAACAC ACTGTTGAAA	5460
	ATGACTACCT GTTGGCTTTA AAGGTATTGT GATTTTCAGGA TTGTCACCTT TAAAATACGC	5520
	GTCTAACCAC TGTGTCGCCT CTCTAAATAT CGCTAAAGAC GTATTTTCTT CCCTAGTACC	5580
50	ATCACCTTGT TGATTTTCAA ACAAACAGC GGTCAGACTT ACCCCATCAC TCAAAAGTTC	5640
	CAATCGTCCT ACAGGCGAAT CATAGTAACT CTTATACTCC ATAAAAATTC CCCCTTTTTT	5700

55

	ATAAGTCGTC AATTACGTAT ATAAACACGT AATACCAGCT ATCACTTTGC TGCAATATAC	5820
	AGTTACATAT CTTACTACAC GTGCTAACCT CTTACTTTGT AAACCAAATC TTAAATTAAA	5880
5	ATATTGAAAA TGCAATGAAT CCTTAATATT TTATTAAACC TATAATTACT TATTAAAAAT	5940
	AACACACAAT ATTCATAAAG TTTTAAAAAT ATTCTGTTTT ATCACCTACT ATTAGTGGA	6000
10	AAGTACAATT GCAATTGTAT ATAGTTTGCA TAACGCTTCA AAAGTAATTT CTTTTTTGTT	6060
	TAGTTCAAAA AAATTTAGAG GTGATGTTAT ATGAATAACG GTTTTTTCAA TAGCGACTTT	6120
	GATTCAATTT TTCGAAGAAT GATGAAAGAT ATGCAAGGTT CAAATCAAGT CGGAAACAAA	6180
15	AAGTACTATA TTAATGGTAA AGAAGTTTCA CCTGAAGAAC TAGCGCAACT CACACAACAA	6240
	GGTGGCAATC ACTCTGCTGA ACAAAGTGCG CAAGCTTTTC AACCAAGCAGC ACAAAGACAA	6300
	CAAGGGCAAC AAGGTGGCAA CGGCAATTAT TTAGAACAAA TTGGTCGTAA CCTTACGCAA	6360
20	GAAGCACGTG ACGGTTTATT AGATCCAGTC ATTGGTCGTG ATAAAGAAAT TCAAGAACT	6420
	GCTGAAGTTT TAAGTAGACG AACTAAAAAC AATCCTATAT TAGTTGGAGA AGCTGGTGTT	6480
	GGTAAACTG CGATTGTTGA AGGTTTAGCA CAGGCAATCG TTGAAGGAAA TGTACCAGCA	6540
25	GCAATCAAAG ACAAAGAAAT TATTCTGTA GACATTTTCA CATTAGAAGC TGGAACGCAA	6600
	TATCGTGGTG CTTTGAAGA AAATATTCAA AAATTAATCG AAGGTGTTAA ATCTTCACAA	6660
	AATGCCGTAC TATTCTTTGA TGAAATCCAT CAAATTATCG GTTCAGGTGC CACAGGAAGT	6720
30	GATTCAGGTA GCAAAGGGTT ATCTGATATT TTGAAACCTG CATTAAAGTC TGGTGAGATT	6780
	TCTATTATTG GTGCAACAAC ACAAGATGAA TATCGAACA ATATTCTTAA AGATGCTGCA	6840
35	TTAACGCGCA GATTTAATGA AGTGCTTGTT AATGAACCAA GCGCTAAAGA TACTGTTGAA	6900
	ATTTTAAAAG GTATTGCGA AAAATTCGAA GAACACCATC AAGTAAATT ACCAGATGAC	6960
	GTATTAAAAG CATGTGTTGA CTTATCAATT CAATATATT CACAACGATT ATTACCAGAT	7020
40	AAAGCAATCG ATGTGTTAGA TATTACAGCA GCACATTTAT CTGCGCAAAG TCCAGCTGTC	7080
	GATAAAGTTG AAAGTAAAA ACGAATTTCT GAATTAGAAA ATGATAAACG TAAAGCAGTA	7140
	AGTGCTGAAG AATATAAAAA AGCTGACGAC ATTCAAAATG AAATCAAATC ATTACAAGAT	7200
45	AAATTAGAAA ATAGTAATGG TGAACATACT GCTGTTGCTA CAGTTCATGA TATTTCAGAT	7260
	ACTATTCAAC GATTAAGTGG TATTCCAGTT TCTCAAATGG ATGATAACGA TATTGAACGT	7320
	TTAAAAATA TTTCTAATCG TTTAAGAAGT AAAATCATAG GTCAAGATCA AGCTGTAGAA	7380
50	ATGGTTTCAC GTGCAATTCG CCGTAATCGT GCTGGGTTTG ATGACGGCAA CCGTCCAATT	7440
	GGCAGTTTCC TATTGTTGG CCTACTGGT GTTGGTAAAA CAGAGCTTGC TAAACAATTA	7500

55

	GACACAACAG	CTGTTTCAAA	AATGATTGGT	ACAACTGCTG	GTTATGTTGG	TTATGATGAC	7620
	AATTCAAATA	CGTTAACTGA	AAAAGTACGC	CGTAATCCAT	ACTCAGTCAT	TCTATTTGAT	7680
5	GAAATCGAAA	AAGCAAATCC	ACAAATTTTA	ACATTGTTAT	TACAAGTAAT	GGATGATGGT	7740
	AATTTGACTG	ATGGTCAAGG	TAATGTCATC	AACTTTAAAA	ATACAATTAT	TATTTGTACA	7800
	TCAAATGCTG	GCTTTGGCAA	TGGCAATGAC	GCTGAAGAAA	AAGATATTAT	GCACGAAATG	7860
10	AAAAAATTCT	TCCGCCCTGA	ATTCCTTAAC	CGCTTCAACG	GCATCGTTGA	ATTCTTACAT	7920
	TTAGATAAAG	ATGCATTGCA	AGATATCGTC	AACTTATTAT	TAGACGATGT	ACAAGTTACA	7980
15	TTAGACAAAA	AAGGTATTAC	GATGGACGTT	TCTCAAGATG	CGAAAGATTG	GTTAATTGAA	8040
	GAAGGCTATG	ATGAAGAATT	AGGTGCACGT	CCATTAAGAC	GTATTGTTGA	ACAGCAAGTA	8100
	CGTGACAAAA	TTACAGATTA	CTATTTAGAT	CATACAGACG	TTAAACATGT	GGATATAGAT	8160
20	GTTGAGGATA	ACGAATTAGT	CGTAAAAGGT	AAATAACGAC	ACTTTAACAT	ATCGCGCATC	8220
	AAAAATGAGC	ATCAGGTCGC	CCTTGCCGTG	GCTCATTTTT	TTAATTATTT	CCCTGGAAAA	8280
	TGATTCGCTG	TGTGCTGTTT	TGTTCCACAA	CAATCACGAT	TAATGTCACA	TGTACCACAT	8340
25	TTTCCTTGTT	TTGAACGCTT	GAAAAATTTT	ACTAGTGTAT	ATAAGGCATA	TCCGAAAATT	8400
	GCTAAAAAAA	TTAAAATGTT	AATAATGACT	GACACTTTAA	CCACTCCTTA	AACAAATAAA	8460
	TGTCCGACTT	GATAAAAAAT	GAATGTTAAG	ACATATGCAG	TGACTAGAGG	ATAGGCAACT	8520
30	GCAAGTGCCG	TCCATTTCCA	TGAATAAGTC	TCTTTACGGA	TTGCTGCTAC	TGTAGAAACA	8580
	CAAGGAATAT	ACAATAGTAT	AAATATCATA	AATGCATACG	CAGATAGCGG	TGTGAATTGA	8640
	TTTTGAATCA	CATTAAACAAG	GCCTGCATCA	CCTGATGAAT	AGATAATCGC	CATCGAACTT	8700
35	ACGATAACTT	CTTTTGCTAA	AAATCCTGGC	ACTAACGTAG	CACCTGCTTG	CCATGTTCCA	8760
	AATCCGAGCG	GTGCACTAA	CATACCAAAG	AAACTACCAA	CCATATGTAA	AAAACTTTGA	8820
40	TTGATATTCA	CATTGATACC	ATGTGGTCCT	ACATAACTTA	ATAGCCAAAT	GACTACTGAG	8880
	CCGCCAAAAA	TAAATGTACC	TGCTTTACGA	ACAAAGCCCT	TAGCCTTTTC	CCAAGTACTA	8940
	CGCCACAACG	TTTAAATGGA	AGGCACACGG	TATGTTGGCA	ATTCCACAAT	AAAGATTGCA	9000
45	TTATCATTTT	TTAAAATCGT	CTTAGTAAGT	ACTGTACTGA	CTAAAAATGC	CATAATAATA	9060
	CCTAAAACAT	ACAGGCTTAA	TACTACTAAA	GATTGATTCT	CTTTGAAAAA	GATACCTACG	9120
	AACAACGCAT	ACACTGGCAG	TCTAGCAGAG	CATGACATGA	ATGGTGCAAT	TAATATCGTT	9180
50	GTAAACGCT	CTTTTTCATT	TTCAATACTG	CGCGCAGCCA	TAATACTCGG	TACATTACAA	9240
	CCAAATCCGA	TAATCATTGG	TATAAAAGAC	TTCCCGCTTA	AACCGAACGA	TTCCATAATA	9300

55

	AAAAAGAGCA CAACAATTG TGGTACAAAG ACTAATACTG ATCCTACACC AGCAATAATG	9420
	CCATCTGTAA TTAAATCTTG TAAAAATGGT ATAACACCAA GATAATTCAT AATCGTCTTC	9480
5	ACACTATCTG TAAATGTACC ACCTATAAAT GCATCGAGTT GATCCGACAA AGGTGTGCCA	9540
	ATCCATGTAA ATGTAGTTTG AAAGATCAAC CACATAATTG CTAGAAAGAT AGGCATCCCT	9600
	ATATATTTAT GTGTTAATAT CTTGTCTATT CTAGAGCTGA AATATTGCTT ATCTTCATCT	9660
10	GGATACGTTA CCACGTCTTG CAATAACGTC TCAATATAAT GATTGCGTAT ACGCTCCATC	9720
	TCTCGACGAA CAGATACAGC CCCTACTTGT TCAGCAACTT GATCAGGTAA ACTCGACAAT	9780
	TTATTTACAA CCTCTGAATT AAGTTCGTTT GCAATTTGCA TGTATTTTAA TAAGAATTGA	9840
15	ATCGCAATAA ACCTAGCTTG ATACTTATCA TGAGATGTCT CTGTCATTAT TATTTGACAC	9900
	ATATTTTTAA TTGTCTCTTC AATCTTCTCA CCATAATTGA TTTTAAAATG CGGTTGATAC	9960
20	CCTTCCCCTA GATGCTTTAT TTCGCCAAGT AAATATTTTG TTCCTTTGCC TGTACGTGCC	10020
	ACAACTGGAA AAATAGGTGT TTTTAACTTT TTCATCAATT TATGATAATC GATTTTTATC	10080
	CCGCGCTTTG TAGCTACATC AATCATATTT AATCCGATGT ATATTGGTTG ATTAAGTTCT	10140
25	AACAATTGTA CTGTTAATTG CATATTTCTT TTTAGTTGAC TCGCATCAAC AATGTTAATG	10200
	ATTCTGAAA ATGAATCGTT TAATAAATAG TCTGTCACTA CAGTTTCATC TTTAGAAATC	10260
	GGCGATAAAT CATATGTACC TGGTAAATCA ATTAATTGTC CTACATTTTC TTTAAGTTTC	10320
30	CCTACTTTTT TCTCTACCGT TACGCCACTC CAGTTGCCTA TATATTCATA CGAACCAGTT	10380
	AAAGCGTTAA ACAAAGATGT TTTACCAACA TTAGGATTTT CTAAAATACA ATAATTTTCC	10440
	ATTCGTCCGG CTCCTATTCT TCTAATGCAA TAGAACAAGC ATCGCAATGT CTAATACTTA	10500
35	ACTGTTGTCC GTTTACTTCA ATAATACATG GCCCTTTAAA TAAACATTTT TGTTTAATCG	10560
	TTATGATAGC GTCATCTGTT AACCCAAAGG CACTTAGACG ATACAACATA TTCTCATTAG	10620
40	CAATATCCAT TCGCTTTATT TTATAAGCCT TATTCATTTT ACCATTTTAA ATGTTTAACA	10680
	TACTATTTTG CTCTCCTATT AGAAATAATA ATCATTATCA CTTAAAAATC ATAACCCCTA	10740
	AAATTGTAGC TCGCAATACT TTATTTAAAT AATTTTCATT TTTTCATGTA AATTTGTGAC	10800
45	ATTGCAAAAA TGT	10813

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 365:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6804 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 365:

	TGATGGATTA GCAGACATTT TACGAGCGAA TGGTTTCAAA GTGTTTGGTC CAAATAAGCA	60
5	AGCAGCTCAA ATCGAAGGCT CAAAATTATT TGCTAAAAAG ATAATGGAAA AATATAATAT	120
	TCCAAC TGCT GATTATAAAG AAGTTGAGCG AAAAAAGGAT GCTTTAACAT ATATTGAAAA	180
	CTGTGAATTG CCCGTTGTTG TCAAGAAAGA TGGGTTAGCT GCTGGGAAAG GCGTTATTAT	240
10	TGCAGATACT ATTGAAGCAG CCAGAAGTGC TATTGAGATT ATGTATGGTG ATGAAGAAGA	300
	AGGTACTGTT GTATTTGAAA CGTTTTTAGA AGGTGAAGAG TTCTCGCTAA TGACATTTGT	360
15	TAATGGTGAT TTAGCAGTAC CTTTCGACTG TATTGCACAA GATCATAAAC GCGCATTTGA	420
	TCATGATGAA GGACCAAATA CTGGTGGTAT GGGGGCTTAT TGTCCTGCTAC CACATATTAG	480
	TGACGATGTT TTAAMACTTA CAAATGAAAC AATTGCACAA CCCATTGCAA AGGCAATGCT	540
20	TAATGAAGGT TATCAATTCT TCGGTGTATT ATACATTGGT GCTATTTTAA CTAAAGATGG	600
	TCCAAAAGTA ATAGAATTTA ATGCCCCGTT TGGTGATCCT GAAGCTCAAG TATTATTAAG	660
	TCGCATGGAA AGTGATTTAA TGCAGCATAT TATTGATTTA GATGAAGGAA AACGTA CTGA	720
25	ATTCAAATGG AAAAATGAAT CTATTGTAGG GGTCAATGTT GCATCAAAAG GATATCCTGA	780
	TGCATATGAA AAAGGGCATA AAGTAAGTGG CTTTGATTTA AATGAAAAC TTTTGTAG	840
	TGGATTAAAG AAGCAAGGTG ATACCTTTGT TACTTCAGGT GGTAGAGTTA TACTTGCCAT	900
30	CGGAAAAGGT GACAATGTAC AAGATGCACA GCGAGACGCA TACAAAAAG TATCACAAT	960
	ACAAAGTGAC CATTTATTCT ATCGTCATGA CATTGCGAAT AAAGCACTAC AACTTAAATA	1020
	AGTAAATTTA AAATACTAAG ATTAGCTATG AACGAATCTA TAACGATAGA TTTTTCATA	1080
35	GGCTTTTTTAG TTGTAGAGTC TAGGACATTG ATTTCTGTAC CAAATTTGTG ATTATGCATA	1140
	TGTAATACAA AAGAGGCGCC ACAACATGTT TGGATGAACA AAATAACATG TTTGTGGCAC	1200
40	CTCTTTTGT TAGTATGGAA TAAATGGTTT TCTTTTTCTA TACAATGAAT TTCTAATTTA	1260
	GTATCTATAC AATTATGGAT AAAATTTAAC CTACACGACC AAGACGAACA TCATCTATGC	1320
	CCGTGATGGG TAAGGTGATT GAACAATAAT ATGCCATAGT AATAATGGCA ATTAAACTA	1380
45	TAATAAAGAT TATATCTTTA TATGAGAAAG GTACGTTGTA ATAGTAAGTA CGAGGACCAT	1440
	CTCTAAATCC TTTCGACTCC ATCGCAACTG ATAATTGATG TGCCTTTCTA ATATTTTGGC	1500
	TTAATAGAGG TATAATTAAA TGCTTAAATC GCTTTAACCC TCTATAATTT GCCGCGTCTA	1560
50	TCATCTGATA GCGCATTTTT AAAGATCTGC GAAGCTGTAT TAAAGAACTA ATCATTAAAG	1620
	GTATCATACG AATGGCAGCC ATGAATGCAT AAGCAACTTT TGATTTAACC TTAAATGTT	1680

55

	ATGAAATAGC AATGGTTCTT AATGATACAT GTAAACCACG AACTAAACTT TCTGTTGTAA	1800
	TATGGATAAA TCCGAATTC AAAATTGTAT GGCTACCATT CCCGTATAAA ATCATGAACA	1860
5	GGGAAGAGAG TAATGCAAAG CCAATACTTA TAGTTATAAA AATTGCTGTA ATTTTAAACT	1920
	GAGTACCATT AAACATCAAT AAGAAAATA ACATTAAGAT AGTGATATAA AGCATAAAAT	1980
	CGAAATTATG CACAAATATA ATAAAGAAAA ATAGTATAAT TCCAAGAAAT AGTTTCGTTA	2040
10	TAATGTTGAC ATCATCAACA AATGATTGCC GAACTTTCCA TTGCTCATAC ATTCGTATCA	2100
	CCATCACAAT CTAGTAACGC ACCATCTGAA ATTTAAGTC TTCTTGATGG ATAACGTTCA	2160
15	ATTATTTTCAT CGTCATGTGT AaCCATGACA ATACTTTGTC CCAAATTAAT TCGCTTTTGG	2220
	AAAAGTTTGA TCAACTGGAA TGTATTATGG CTATCAAGTC CAAATGTCGG TTCATCTAAA	2280
	AAGATAATAT CAGCTTTAGA ACTTAGTGCG GTAgcTACGC TAAGGCGTCG TTTTGGACCA	2340
20	ATAGACAACT CATAAGGATG TTGATCTTTT ACATTTTGTA AATCTAAAAG TTTTAAAAGT	2400
	TGTATCGTTT CATCATCACT TTGATCTTTA GAAAGGTGAT TAAAATGAAT GTTAATTTCA	2460
	TCATAAACCG AATTTGTTAT AAATTGTAAT TCTGGGTTTT GATAAACTAG GTACATGTGT	2520
25	TTTGCTGTCAT GTTTAATTTT TGTTAAACGC TGATTTTCAA AATAAACATC ACCTTGATAT	2580
	TTAATCAATT GCATAATTGA TTCAAGCAAG GTTGTMTTAC CACTACCATT TGCCCCGTGA	2640
	ATTGTAATCC ACTCACCTAG ACCAATTTCT AAATCTGAGA ATGAGAGCAA TGTTGATTTA	2700
30	CCGCGAATAA TACGTCCATT TTTAAATTGT AATAAGTGTG AGTTTGTGTG TGGAAAGTCA	2760
	ACACGACTTG GTGCGAATTC CCATGCACGT GGATGCCACA CACCATATTC ACTGAGTAAA	2820
	TGAACATACT TCTGTAATAT GATTTCAGGA CATTCATCGG CAATGATATT TCCGTTATAA	2880
35	TCCATCAAAA TGACGCGGTC GACATGATTC CAGATGTGTT TAACTTTATG TTCAACGATT	2940
	ACAACCGTTT GATCTTCCCA AAGTTCAATT AGTTTAGTCC ATAAATCTTC TGTTGCTTGA	3000
40	ACATCTAACA TTGCTGTCGG TTCATCTAAA AACAAATGTTT TTGATTGTTG AAGAATGGTT	3060
	TCAACAATTG CCAATTTCTG TTTCATCCCG CCACTTAAAT CTTTGATATA CGTTTCAGGG	3120
	GTAACATTTA AATTGACCAT ATTTAAAGCA TTGATAATTA ACGCATCCAT GTCTTCACGT	3180
45	GGTAATTGTC TATTTTCTAA AACGAATGCA AGTTCTTCGT ATACTTTTGG CATACAAAAC	3240
	TGGCTATCAG GGTCTTGGA AATAACGCCA CTTAATGGGT CAACGATTAG TTCATCATAT	3300
	TTCATAGGTA ATTCAATTAA ATTAGGAACA ATACCACTTA ATACATTAG AAGTGTACTT	3360
50	TTACCGCAAC CAGAAGGACC GAGTAAAAGT ACTTTTCTT TGTCTTGAAT AGTGATATTT	3420
	AAATGATCGA AAATTTTACG TTGACCACTT GGATATTTTA ATCGTAAATC ACTTACTTTT	3480

55



	ATTTTGTTAC	GCCTGTCTTA	TCTAAAGCTT	TTACTAAAAG	GTAAGATAGG	ACGCCGGCGA	3600
	CTACTGCACC	ACTAATTAAT	CTAAATACGA	TGAATAATGT	TAAGTTCCAA	CCTGCAACTT	3660
5	CATTTAAATA	ACCATAGAAA	TAATCTATCG	GGAAAGCCGC	GATTGCTGTA	CAAAAACCTG	3720
	CTAACATAGC	TACCATAACT	GAACGTGATT	GATATTTAAA	AATTGCAAAG	ACAAGTTCAC	3780
	ACGCTAAACC	TTGTATAAAA	GCGTAAACGA	TTGTCGGAAT	ATCGAAACGA	CCCATAATGA	3840
10	TAGTTTCGCC	GGCACCTGCA	GCAAATTCAG	CCAGTAAAGC	AATACCTGGT	TTTGGGAATA	3900
	TTAGATAGCA	GACAATCGCT	GCCATGAACC	AAACCCCGTT	TGTTAATTGT	TCGAGGTGAA	3960
15	GGCCTGTAGC	TTGCACACCA	TTGTAAACAA	ACCACCATAA	ATTGTAAATA	ACTGCGAATA	4020
	CTACTGAAAT	AAGTACGGTT	ACTAGTATTT	CAGATAGCTT	TAAACCTTTT	GACATTTTTA	4080
	CATCCTCCTA	ATAAAAAAAC	GCACAACCAT	CCATAGGAAA	GTTATGCGTT	CACAATATAT	4140
20	ATTAGTAAAA	CATATGTATA	GTAACACTTT	CCTACGCTAG	TTCAAGCTAG	ATCAGGTTCA	4200
	AAGGGTTTGA	GGGCAAGCCT	CATCTCAGTA	TAAACACCCC	CTAGTGTGTG	CGATTTATTT	4260
	AATTAATTAT	ACTGTAAGAC	GTTTGTA AAC	TTATGTCAAT	AGGTTGTCTT	CATGAAATTT	4320
25	CGTTTAATTC	GATTTAAAAT	TTATAATATT	AGCATTGGAT	TTAAATTGAA	GATGTAGTAG	4380
	GAATGTTAGT	AATTAAAGAT	ATAAAAATAT	GTGACATGTA	ATAATATTGA	GCTGATAAAT	4440
	GAAGAGGGAT	ACTTATCAAT	CATACCTCTT	TAACAACAGT	GAAGAACCCG	TGCATAATGG	4500
30	CTTACGAATT	ATAGTTTATA	AGGAAGAAGA	GGGATACATG	CGCCGAGCAC	ATGCATAAAA	4560
	GCCCCTAACA	ACTAAAAGTT	GTAAGGAAGG	AGAGGGATAC	ATGCGCCGAG	CACATGCATA	4620
	AAATCCCCTA	ACAACTAAAA	GTTGTAAGGG	GATTTAAATT	AATTTAGTGT	ATCTTGGATA	4680
35	TCTTGTTTTG	kTTGaTTAAT	ATCTTCTGTT	TTTTCTTCTT	TTTTATCTTT	TAATTTTTCT	4740
	TCAACTTCTT	TAGCTTTTTT	TGCTGCTTTT	TTATTTTGAT	TTTCATTAGA	CATGATTAAT	4800
40	TCCTCCCAAA	TTGGATAAAT	ATTTATATAT	AAATCTTACC	CGGTTGTACT	TCGTTAAAC	4860
	TTTTCTAAGT	CTATAGCACT	ATTTATTCAT	TTATCTAAAG	ACAACAACAT	TAGATTAATA	4920
	TATAATGATT	TTGAGGTGAA	CATAATGTCT	TTTCTTAGGA	AACACGCCGA	AATTATTTTT	4980
45	AGCTATTTAA	TCGGTmwCGT	TcACTCTTCA	CTGGkcTCAT	TATTTTAAAT	AACTTGCCAT	5040
	TAATTAAACA	ATTAAATGGT	GGTAAAAAAG	TTGATACACA	TGTTCATAAT	GTGTGGGAAT	5100
	TTCTGAATGC	ATTTTTTCAGT	GAAATTATTA	AAGTAATGAG	TCGATTTATA	GGTAATTTCC	5160
50	CtATAGTTAG	TGCAATTGTG	ATAATTATAT	TCGGTATTTT	AGTTATGTTG	ATTGGTCATA	5220
	CATTACTTAG	AACTATTAAG	TATGACTATG	ATATTTCTAT	CTTTTTCTTA	GTTATCGGTA	5280

55

	TTTTCAATTAT TCCATTTACA ATTCATATAG GATATATCGT CTATAAAGAT GAATTGAATC	5400
	AGGAAAATGT AAAAAATCAT TTCATGTGGA TAATTGTGAG TTATGGTATA AGTTACTTAA	5460
5	TTACACAAAT TGCATTGTAT GGCAGAATTG ATGCTAATGA AATAGAGTCA ATTGATATCT	5520
	TAAGTGTCAA TGCTTTCTTT ATAATTATGT GGTACTTGG TCAAATGGCT ATTTGGAATT	5580
	TCTTGTTCTT GCGCCGAGCT TTACCTTTAA CAAAGCAAGA AATTAGGTGAA GAGGAGCCAG	5640
10	AATTATCAAG AACAAAGTAAA GGAATGTCA CGAATCAAAC TAAATTCAC TTGAAACAAC	5700
	TCCAAGATAA GACTACAGAA TATGCACGTA AGACAAGAAG AAGTGTCGAT TTAGATAAAA	5760
15	TTAGAGCTAA AAGAGATAAA TTCAAAAAGA AAGTTAATGA TATTATCGAT ATTCAAGAAG	5820
	ACGATATTCC TGATTGGATG AGAAAACCGA AATGGGTTAA ACCAATGTAT GTCGAACTAT	5880
	TTTGTTGGTGT CGTCATCTTT TTATTCACAT TTTTAGAATT TAATAATCGT AATGCATTAT	5940
20	TTGTATCTGG TGATTGGAAA TTATCACAGA CACAATATGT TATTGAATGG GTTACATTAT	6000
	TAATTCTGTT ATTCATTATT ATCGCATATA TCGCTACAAC GTTAACTTTC CACTTGAAAG	6060
	GTAAGTTTTA TTATTACAA TTATTTATGG GGAGCATTTT ATTCTTTAAA TTGTTAACGG	6120
25	AATTIATAAA TATAATGATT CATGGACTAT TACTTTCAGT GTTCATTACG CCAACATTAC	6180
	TATTAATGTT ATTGGCAATC ATCATTTCTT ATTTCGTTACA ATTACGAGAG CGACCATAAT	6240
	TAAAAGCATT ATAAAAGTAC TATCTATTAA ACATTTTGAT GTGTACGCTA TAAGTTAGAT	6300
30	ATATCTCTAA CTTACTTAGA TACAGGTCAA TGAAGTTTAT GGATAGTACT TTTTTTGTAA	6360
	CTAGATTTGA TTGATTCAGG TGATGTGAAT TAAGTATTGA TAATTGTATA CAAAGTTTTA	6420
	GTGCAAATAA AATAGTTGAA AAGTTATCCA TTTGTAAAAT CAAGAAAAC AGTAAATAGT	6480
35	TGAAGCGACT TATGGAATTT GCGAAACGAT ATATAGTATT TCCTTTGTAG AAATTTmACA	6540
	TATATCATTC AAATTACTAA TTTGTTAAAA TCAACAGTAA GATTAGAAGT AGATGATATT	6600
40	GAAATTTGGC AAACAaTTTA ATCTATATAA AACTACAACG AAACACAGAA AGGAAGTTGT	6660
	CAGATGAAAA TAGCAACTCT GAACAAAGGC AAAGAAACAA AATATTTTAA TGGATATCCT	6720
	TTAATTGAAG AAGAGGATAT CTATTCACAA GATCATTTAA AAGAAGGAGA TATTTTTCAA	6780
45	ATTGTGACTG ATAAATCACA ATAT	6804

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 366:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 366:

	aaaAGAGACG CATTaAAACA AGCTATACAA ATTATCGATA AATTAAACATG GGGTGTtTAG	60
5	TGGTGGTTAA AGAAATTTTG AGACTATTAT TCTTACTAGC GATGTATGAG CTAGGTAAGT	120
	ATGTAAGTGA GCAAGTATAT ATTATGATGA CGGCTAATGA TGATGTAGAG GCGCCAAGTG	180
	ACTTTGAAAA AATCAGAGCT GAAGTTTCAT GGTAAATAGCT ATTATCATTt TTGAATTAAAT	240
10	TATATTAAATG TGTGTAGCAA TAGCACTGGA GGTGTTGTAA ATATGTGGAT TGTCAATTCA	300
	ATTGTTTTAT CTATATtTTT ATTGATCTTG TTAAGTAGCA TTTCTCATAA GATGAAAACC	360
	ATAGAAGCAT TGGAGTATAT GAATGCTTAT CTTTTCAAGC AGTTAGTAAA AAATAATGGT	420
15	GTTGAAGGTT TAGAAGATTA TGAAAATGAA GTTGAACGAA TTAGAAAAAG ATTCAAAGC	480
	TAAAGAGAGG CGTTGGCTTC TCTGCTCTAT CyAAAATAAT GAAAGGAGCC saACATGTTA	540
20	GaCmAAGtCA CTCAAATAGA AACAAATAAA TATGATCGTG ATGTCTCATA TTCTTATGCT	600
	GCTAGTCGTT TATCTACACA TTGGACTAAT CACAATATGG CTTGGTCTGA CTTTATGCAG	660
	AAGCTAGCAC AAACAGTTAG AACTAAAGAA GATTAACTG AGTACAATAA AATGTCTAAG	720
25	TCTGAACAAG CCGATATAAA AGATGTTGGC GGATTGTGCG GTGGATATTt AAAAGAAGGC	780
	AAACGGCGTG CTGGTCAAGT CATGAATCGT TCAATGCTAA CACTTGATAT CGATTATGCA	840
	GCCCCAGATA TGA CTGACAT ATTATCTATG TTTTATGATT TTGCATATTG TTTATATTCA	900
30	ACACATAAGC ATAGAGAGAT AAGTCCAAGA CTGCGTTTAG TGATTCCTTT AAAACGAAAT	960
	GTAATGCAG ATGAGTATGA AGCTATTGGG CGTAAAGTCG CAGATATCGT TGGCATGGAT	1020
	TACTTCGATG ATACAACTTA TCAACCACAT AGGTAAATGT ATTGGCCTTC AACTAGTAAC	1080
35	TGATGCGGAAT TTTCTTTTAC CTATGAAGAT TTACCTTTGT TAGACCCAGA TAAAATATTA	1140
	AATGAATATG TTGATTGGAC TGACACATTA GAATGGCCAA CGTCTTCAAG GGAAGAGAGT	1200
	AAGACTAAAA GATTAGCAGA TAAGCAAGGC GACCCAGAAG AAAAGCCGGG AATTGTTGGT	1260
40	GCATTTTGTA GAGCCTATAC GATAGAAGAA GCTATAGAAA CTTTtATTCC TGATTTATAC	1320
	GAAAAACATT CTACTAACCG TTATACCTAT CATGAAGGTT CAACTGCAGG TGGATTGGTG	1380
45	TTATACGAAA ATAACAAGTT TGCCTATTCT CATCATAATA CGGATCCCGT AAGCGGTATG	1440
	CTTGTGAACA GTTTTGATTT AGTACGCATA CACTTATATG GTGCTCAAGA TGAAGAAACT	1500
	AAAACAGATA CTCCGGTTAA TCGACTACCT AGTTATAAAG CAATGCAGCa AAGAGCGCAA	1560
50	AATGATGAGG TTGTTAAAAA GCAATTAATT AATGACAAAA TGTCTGATGC AATGCAGGaT	1620
	TTGATGAAn GAGAAAATAG CGATGATGCA TGGTCTGAGA CGTtNGAAAT TACTTCGAAA	1680

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 367:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 367:

	AAGATTAGGC ATCAAGACAG GGTGCGGATT GTTTGAAATC CCACATAGnA ATGATATTTa	60
5	CaTTATCAAT CCaAGTATGC GTAAATATCT TAATGTTTCA GTTGCTATTT CTAAGATTGC	120
10	ATTGCGTTAT ATTCCACCTG AAGATTTACA CCAATATAGT ATTGACGAAT TTTTATGGA	180
15	TGTTACTGAT AGCTATCATA GATTTAGTTC TACAGTACAT GCATTTTGCG AAAGACTTAA	240
20	ACGTGAAATT TATGAAGAAA CAGGCATTTA TTGTACTGTG GGCATTGGTT CTAATATGTT	300
25	ATTAAGTAAA ATTGCTATGG ATGTTGAAGC GAacATAGTc AAAATGGTAT AGCTGAATGG	360
30	CGATATCaAG ATGTACCAAC GAAATTATGG CCAATTcmGC CCtTGCGAGA TTTTGGGGT	420
35	ATTAATCGTC GAACAGAAGC CAAATTGAAT AAAAGAGGAA TTTTACTAT AGGAGATTTA	480
40	GCGAAATATC CATATAAATT TTTAAAAAA GAGTTCGGTA TTTTAGGTGT TGATATGCAT	540
45	CTACATGCGA ATGGGATAGA TCAGAGTAAA GTACGTGAAA AGCACAAGAT CAGCAATCCA	600
50	TCGATATGCA AAAGTCAAAT ATTAATGAGA GATTATCATT TTGATGAAGC AAAAGTAGTA	660
55	ATGCAAGAGT TAATTGAAGA TGTGCTAGC AGAGTTCGAG CAAGAAAAAA AGTGGCAAGA	720
60	ACGATACATT TTGCCTTTGG CTATAGTGAT GAAGGCGGTG TACATAAGCA ATATACTTTG	780
65	AAAGATCCAA CAAACTTAGA AAAAGATATT TATAAGTAG TAATGCATT CGCAGATAAA	840
70	TTATGTAATA AACAAGCACT ATATCGTAGC CTAAGTATAT CTTTGAGTCA ATTTATTAAT	900
75	GAGGATGAGC GACgTTAAGT CTGTTTGAAG ATGAATACCA ACGCAAACGT GACGAATGTC	960
80	TAGCTAAAAC GATAGACCAA TTACATTGA AATACGGCAA AGGTATTGTG TCCAAAGCAG	1020
85	TATCGTTTAC AGAAGCAGGT ACAAACACG GCAGATTAGG TTTAATGGCT GGACATAAAA	1080
90	TGTAATGACT ATACGGTTTA AGTAATATAT AACTGTGATT CGTATAAAAT AAGTCTCTAA	1140
95	AGATAAATAT TTCATATATC ACAATAGATT TTCACAATA TATCTAAGAA TACATGGAAT	1200
100	TTATCAAAAG AGACTTAATA ATTATTGGAT ATAACAATCA AAATCACTCA ATGCTTGCAT	1260
105	ACCGCGTTCT CGGTCAGTAG GGTTTTTGAA ACTAATTTTT AAAGCACCGT ATATATCTTC	1320
110	GCGTACTTCT AAGATTCTTA AGTTGCTTAT AGATATGTTA TGTAAACTCA GGATATAAGT	1380

TAGTCCACCT AGTTGTTTAG CGGGTAGTGC GTCGCGATAC GATTTAGCTT GGGCAAAAAA 1500  
 TGATAACAAT TTTTCAGAAT CATTGCTTTC AATTAGTCTT TCTAAATCTT GAAACTGACT 1560  
 5 TTTTAGCTGT CGAATCATTT CTAAAATATA CGTTTTATTA CTCAAGGTGA TATCTTTCCA 1620  
 CATTGTGCA TTACTIONTAG CTATACGAGT GATATCACGA AAACCACCAG CTGCAAGTTT 1680  
 10 ATTAATAAA TGATGTTCTT GACCGTTCCT TTGACTAACA TGAATAAAC TAGATGCAAC 1740  
 GATATGAGGT AAATGACTTA CGACGCTTGT TACGTAGTCG TGTCTTCAG CAGTAGTTAC 1800  
 AATAAATTA GCAAGAGTAG GTGATAACAG TTCTTTTAAC GTGTTTG 1847

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 368:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 494 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 368:

25 AACAAAGGC ATAAGTTCGT GAATTAATGC GTATACAAGG ATAAAGCTTA TAACAGTAGT 60  
 AATTGTTGCT ATCAAACGAA CAACATATAT TCTATTTTCA GATAGCAATC GATTCATAA 120  
 TCGATAATTT ACGTATACAA GAATTAACAA CAGCACAATA TAAACAATAA TCATATTTGG 180  
 30 CCCCATTAA TTTTAAATT TGTTTTTACA TCATTTTCTA CTTTATTATC ATACTAATTT 240  
 TAAAGGCAAA GGTGGACATC GGCAACCTCT CGTAAACTAT TTATCAAAAA TAAACGTATC 300  
 35 TCATTGTTAT GATATTTATA AATCAATTCG TTTTATTAA AGTCTTTTTC AACAAAGTTTG 360  
 TCACTATCTA TTAATAATC ACGCATGCAT CCTTTTAAGA AATCATCTTT ATAACCTGGT 420  
 GTGTACCATT TTCCATCCTC TTCAATGACA ATGTTGCCAA TATCAAATTC AAGGACCTTG 480  
 40 CCGTCCTCTG AAGT 494

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 369:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2518 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 369:

GTCCATATTT CCCGTCCAAC CAACTAAAAA TGGGTAAATC CCTGGATTTa AATCTACTTC 60

	GATAATTTCT	AATGTAGCGA	CCATCATTAC	GAGATGATTT	GATATAAGCA	CAGTTTGGAT	180
	GTTGACCAAT	ACTATCGCCT	TCTTCTTCGA	TGATATCTAT	TTTAATACCA	TCATCAGCTG	240
5	CAATTTCTAA	TGAAGATTTA	ATTCCGTTAT	CAAATGTTGA	ATATCCCATT	GCTCCACCCA	300
	CAATAGCGAC	ATCTGTACCA	TGTCCTTGGT	GTGTTTGAGC	AAATGATTCA	TAATAATGTA	360
	TTTCAATATT	TTTAGGAATA	TCTCCCAATA	TTGCGCGTGC	TGAATTCCCA	ATCTTTACTG	420
10	CACCAGCCGT	ATGAGAACTT	GAAGGGCCCA	TCATAACTGG	TCCGATAATA	TCGAAAGCAC	480
	TTTGATAATC	ATAGCTCTTT	GCCATAATTA	AACACTCTCC	TTAATATGAT	TCTTTTGTCT	540
	CGGCATTTTA	AAGTTGATAT	TCATTAAATT	AAACTTATTA	ATTAGTGTTT	CAATAATATA	600
15	GGCTAAGACA	ATGCTGACAA	TAATCACTGT	TGCGATTGTT	ACAATTGATG	TCACTGCATT	660
	ATTAAAGCCA	AACAATACGA	TGGCGCCTGC	AATTGGTGT	GCCATACCTT	TGACACCTAT	720
20	TACTAGTCCG	CTAAATGTCA	CGATACATGC	GTTGACGACC	CCAATCAGTG	CATTTGTACC	780
	ATATAGTTGT	ACTGGATATT	GCGCTATTAA	ATCAATTTGC	GTCAATGGCT	CAATACAAAC	840
	TGCAAAATGCT	TTTGACGGTC	CACCAATGTT	TAATTTTCGG	AATAAAATAA	GGTTAACAAA	900
25	TGAGCTACCT	GTACATGTTA	GTGCTCCAAT	AGCCATAGGA	ACACCTGTCA	GTCCTAATAA	960
	ACTTGTTAAT	ACCATTGAAC	TTAGCGGTGT	CATACCTGTA	ACAGGAATCA	CTAGTCCTAA	1020
	AATGACCGCT	AATGCATATG	GATTGTTATC	ACCTACCGCA	GTGACAGCAC	TACCTATTTG	1080
30	TTTTAATGTT	GCTAGCACAC	CAGGTGTAAT	GATTGATGCA	AGTCCGAAAG	CAATTGCTGG	1140
	TGCAAATAAG	ATCACCACAA	TTAAGTCCAA	GCCTTCTGGA	ACTTTCTTTT	CAATCCATTT	1200
	AATTAAAAAA	GCTACGCCAT	AAGCTGCGAT	GAATGCTGGT	AATAATTTAA	AGTCATGTAA	1260
35	TACTAAACCA	ACAATGACCG	CAAATACTGG	TGCAACGCCT	AAGTTTAAGC	ACGTTAGAAT	1320
	ACCTACTGCG	ATACCGCTTA	AACTTCCTGC	TAAATCCCCA	ATATCTTGTA	GAAATTTAAT	1380
40	ATCAAATACG	CCACCAATAG	CATAACTTAA	GAATGCTTGT	GGTAGAAATG	TCGCACAAGC	1440
	TGCACCGGAT	AATGCTTGTA	GTCCTTGTTT	ACCGTACGGT	GCATACTTTA	AAAATAGCGT	1500
	CATGATCACT	AAAACCAAGA	CTAATGTGCC	TACACCTAAC	AGAATATCCA	TTTCCCAAAA	1560
45	ACCTCTCTCT	ATGTTTATTT	TATTTTCAGA	CCATAAACAT	CGTACACCCT	TAAGAAAACG	1620
	TTTTCAACTT	TTATCTGTTA	TCAAATCAAA	TATTTAAGTG	AAATATTTCA	TATTTGTGAA	1680
	AGATTTTAA	AATGGATTGT	TTCAAAAAC	ACTTATGTTG	TCGTAAATAT	TTACTAATTA	1740
50	ACTTTTACT	CTATATTTCA	AACAGTTGTG	TGACAGTTTT	TTGATAACTT	TTTTACATCT	1800
	GAAAGTAAGT	AATATTTCTA	AAAACTTTTA	ATATTTATAC	ACTTTATCTT	TCGAGCTATT	1860

55

ACACATATAT TTGCAATAAG ATAATTAAAG TAGGATATTA TTTTtagTTT TCTGATAGGA 1980  
 ATGATGATAG TCTATAGGTT GAATCTTTAC TTTTTTTTAA AGCTAAATTT ACATCAACTT 2040  
 5 AACAAATGGTT GGTtTACTG AAGATGAAAA TATTTAGTAT AACTTAGTGG AGGCGATAAA 2100  
 GGTGCAATTG AGTCATTCCG TTAAAGTTGC AATTTCTATC TATTTAGCAC TTATCTTTAT 2160  
 AACGTTCACT TCTTATTTAG TCATTATTTT ATATACGAGT ATGACTGGAC ATGATGTATC 2220  
 10 ACATTTCTGTG TTAGATAGTC AGCATTCTCA TCATGGATCT CTTACGCAA AACATTTGAG 2280  
 TCTTCCTGAA ATCTCATTTA AATAGTTTAT CCTCTGTGTT TCAACATTCA TTTCCCATAT 2340  
 CGATTCATTT ATCTATCATC TAGACCACTA CATCTTAGAT GATTTTTTTT TTTTCTCATT 2400  
 15 TCACCTTTTC TTAAAAGTCG ATATAATGAA TTAAATCATT ATCATAACACC GACATATTTT 2460  
 ATGTTGTTGG TGTTAAGTTT aAAGGGGTGA GATACTTGGC GAATaATCaT TCAGCTTT 2518

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 370:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 790 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 370:

30 ATACTACTGG ACCGTCnACC AATTGACAAA ACCTGAAAAC TGGATTTTTTA TTGCAGGATT 60  
 ACATCGAACC TGGAAGAACA ATCCCCAGGA GTTGATGATA TTCGAGATAT GGCATACAAT 120  
 CAAGGTAGTT TAGATAAGAC AATTTATGAA ATTTCTAAAC GCACAGTACT ATTTTAAATA 180  
 35 CAGAAAGATA TTACGGTATA TAATAAGACG ATTGACTGTT TAAATTATTA TAACTATAGT 240  
 GACGAAAGAA TAAAGGATGA TTAAATGAAT TCACAAGAAT TATTAGCAAT TGCTGTGGAT 300  
 GCAATTGACA ATACCCCAGG CGAAGATACG ATTTCTTTAG AAATGAAAGG TATCAGCGAT 360  
 40 ATGACAGATT ATTTTGTTGT AACGCACGGA AATAATGAAC GACAAGTTCA AGCGATTGCT 420  
 AGAGCGGTGA AAGAAGTAGC CAATGAACAA AATATAGAAG TAAACGTAT GGAAGGATAC 480  
 AATGAAGCGC GTTGATATT AATTGACTTA GCTGATGTTG TGGTACATGT TTTCCATAAA 540  
 45 GACGAAAGAA ATTATTATAA TATTGAAAAG TTATATCAAG ATGCACCATT AGAATCATAT 600  
 AGTCAGGTTG CGTATTAATT ATGTCGCAAT ATGCAGAAAT GAGCCTAGTG TACGATCAAT 660  
 50 TGACTCAAGA TCAACCATAT GAAAAATGGT TTGAAATTGT AAAAAATCAC TGCAAAGATG 720  
 AATCAAATAT TTTAGATATT GGATGCGGTA CTGGTAGTTa ACAGTTCAAT TAGAAGCTTT 780

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 371:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1823 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 371:

	ATAGATGAAG GTGCAAAATAT TGAAaTAGGT TATTTACCTG GACGCTTGAA ATGGTTAGTT	60
	GCTGATTTAT TAACTAAACA AGGATTAAAA GTAGTTAACG ACGATATGAC AGGAAGAACG	120
15	TTAAAAGATC GTAAATTATT AACAGGTGAC AGTCCTTTAG CTTCAAATGA GTTAGGAAAA	180
	TTAGCAGTTA ATGAAATGTT AAATGCAATA CAAAATAAAT AATTAAATAT TAATTAGAGG	240
20	AGCCTCATAT GTAAATGTAT GAGGGCTCTT TTTTTTGGCA AAATTTAAGT GATACTTGTA	300
	AAATAGAACC TATTATGAGT ATGATTTAAG AAAACGCTTG CAAACTAAT AACCGCAACT	360
	AGCGATATGG AGGAAACATG ATGTCTTATA GCATTGGAAT TGATTATGGA ACTGCTTCAG	420
25	GCCGTGTGTT TTTAATTAAT ACAACTAACG GTCAAGTAGT ATCAAAATTT GTGAAACCAT	480
	ATACACATGG TGTCAATTGAG AGTGAATTAA ATGGTTTGAA AATACCACAT ACATATGCAC	540
	TTCAAAATAG TAATGATTAT tTAGAAATTA TGGAAGAAGG AATATCATAT ATAGTACGTG	600
30	AATCAAAAAT AGATCCAGAC AATATAGTAG GTATTGGTAT AGACTTTTACT TCATCTACTA	660
	TTATTTTAC TGACGAAAAC CTTAACCCGG TACATAACTT AAAACAATTT AAAACAATC	720
	CACATGCGTA TGTGAAACTT TGGAAACATC ATGGTGCATA TAAAGAGGCA GAGAAATTAT	780
35	ATCAAACTGC TATTGAAAAT AATAATAAGT GGTTAGGCCA TTATGGATAT AATGTTAGTA	840
	GTGAATGGAT GATTCCCAA ATAATGGAGG TCATGAATCG AGCACCAGAA ATTATGGAAA	900
40	AAACGGCTTA TATTATGGAA GCGGGCGATT GGATTGTAAA TAAATTAAC TATAAAAATG	960
	TACGCTCGAA TTGTGGATTA GGTTCCAAAG CATTTTGGGA AGAAGAAACA GGGTTTCATT	1020
	ATGATTTATT TGATAAAATA GACCCCAAAT TATCAAAAGT AATCAAGAT AAAGTATCTG	1080
45	CACCGGTTGT TAATATTGGT GAAGCAGTAG GGAACTGGA TGATAAAATG GCACAGAAAT	1140
	TAGGATTATC AAAAGAACT ATGGTAAGTC CTTTATTAT TGATGCCCAT GCTAGTTTAT	1200
	TAGGTATTGG GTCTGAAAA GATAAAGAAA TGACTATGGT GATGGGAACA AGCACATGCC	1260
50	ATCTTATGTT AAATGAAAAG CAACATCAAG TGCCAGGTAT ATCAGGTTCT GTAAAAGGAG	1320
	CAATTATTCC AGAATTATTT GCTTATGAAG CGGGGCAATC AGCAGTAGGT GATTTGTTTG	1380



CTGTATTTGA ATTAATGAAT GAAAAGATAA AACATCAAAT GCCAGGTGAA AGTGGGCTCA 1500  
 TTGCTCTTGA TTGGCATAAT GGAAATCGAA GTGTATTAAG TGATAGCAAT TTAACAGGTT 1560  
 5 GTATCTTTGG ATTAACCTTA CAAACTAAGC ATGAGGaTAT TTATAGAGCm TATTTaGaAG 1620  
 CTACaGCATT TGGTACtAAG ATGATTATGC mACAGTATCA AGATTGGCAT ATGGaAGTAG 1680  
 aAAAGGtATT TGCaTGTGGc gGTAtACcTA AAAAGAATGC TGTtATGATG GATATCTATG 1740  
 10 CGAATGTACT GAATAAAAAA CTAATTGTTA TGGATAGTGA GTATGCACCA GCAATAGGCG 1800  
 CAGCAATATT AGGTGCAGTC AGT 1823

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 372:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1600 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 372:

25 ACGATCATCT GCATCAGCGA ATTCCGATGc AaTtCATATG tCCTaATAAC AAAAGAATAG 60  
 GTTTTaAAAAG ATATGCATAC CGTAATGaTa GATATAGTTT TAAACGTGAC TTCAAGCTAT 120  
 ATGaATGTGA TGACTGTTCA TCATGTTCTT TGAGACATCA ATGCATGAAG CCAAATTCGA 180  
 30 AATCCAATAA GAAAATTATG AAGAATTATA ATTGGGAATA CTtTAAAGCC CAAATTAATC 240  
 AAAAGCTTTTc TGAACCAGAA ACGAAAAAAT CTATAGTCAA AGAAAAATTG ATGTAGAGCC 300  
 TGTTTTTTGGA TTTATGAAGG CTATTTTGGG TtTCACTCGA ATGTCAGTTC GGGAATAAAT 360  
 35 AAAGTTAAAC GAGAGCTAGG TTTTGTATTA ATGGCACTTA ATATAAGGAA AATAgcaGCT 420  
 CAACGAGCTG TACATTATAA AATACATATC AAAAAAGCTG ATTTCTATCA AATAAATAAT 480  
 AGAAATCAGC TTTTTTACAT TGCCTAAGAA CTtTAAGGAA CTTAATGTCC CAAGCTCTTT 540  
 40 TTTGTtATAT CTAATTCGTA ATTTATGATT GTTTATTCCG TCCTTTGATG TTCACTAAAT 600  
 GTGACTTTAA ATCTTGTtCT AATTGTTGTA ATTCTTTTTTc AGCTAATTGT CGTtCTTCGC 660  
 45 GACCGTGTG TTGAATAATT AATGTTTCTT CAATTGTCTC AATAATGTTA CGCTGTGTAC 720  
 GTTCAATGT ATCAAGATCA ACAATGCCAC GCTCATTtTC TGTTCAGTT TCAATCGCAT 780  
 TTtGTTTCAA CAITTCAGCA TTTGCTGTTA ATAAATCAIT AGTTGTATCA GTGACAGCTC 840  
 50 GTTGTGCAGC AACTGCATTA CGCTGTCTCA TTAATGTAAG CGCAATGGCC ATTTGATTTT 900  
 TCCATAGTGG AATACTTGTC AAAATTGAAC TTTGTATCTT CTCGGCAAGT GCTTGATTAA 960

AGTCATATAT GCGTTTATCT AGTCTATCTA TAAATTGCTG CATATCTGCA ACTTGTTGAA 1080  
 TATCCATTGG ATTAGTGGAT TgtGCGCTTG CTGTTGCAAT TGTGGTAGCT TTTCATTTTC 1140  
 5 TAATTGCAAC TTTTTTTGcT GTGCAGCAAT GATATGCAAT GATAAGTCAT CAAAGTATTG 1200  
 TTTGTTTTTA TCATATAGCG TATCTAATAA TTCAATATCT CTTGTTAAAT GTGTTTGATG 1260  
 TTTCTGCAGT TGAATCGTTA TGCATCGAC TTGAGCACTA ACTGATTGCA TTCTTGAAAA 1320  
 10 GATTTCAATTG ATAGACGACT TTGCTCTGCT AAAAAATCTT TTAAACATAG ATGGTTTATC 1380  
 AGTATTTAAC TCATTTGGAT TAACTGACTT TAGTTTGTAC ATTAGATCTG ACAAAGTATC 1440  
 TCCAATAGGA CCAACATCTT TACTTTGTAC TTCATCCAAC ATTTGATGTG AAAATTGAGA 1500  
 15 CATTTGTTTC TGkAAATCAG AACCAACGC TAATAAACCT TCATTGTCTA AAGGGTTAAT 1560  
 TTGTTTACTG ATTGTGTCTA CcTGTTTTTG TTGTTCAATT 1600

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 373:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1227 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 373:

30 ATGTTGATAA TGGTAGCTTC TACAAGAATA AAGACCAACA AGTTGGTGCA ACAATTCTTG 60  
 aTAGTAAAC TGGTGGTTTA GTTGCTATAT CTGGTGGACG TGATTTCAAA GACGTCGTTA 120  
 ACAGAAACCA AGCAACAGAT CCTCACCTA CTGGTTCATC TTTAAACCT TTCTTAGCGT 180  
 35 ATGGACCTGC CATTGAAAAT ATGAAATGGG CAACAAACCA TGCGATTCAA GATGAATCTT 240  
 CATATCAAGT TGATGGTTCT ACATTTAGAA ACTATGATAC GAAGAGTCAC GGTACTGTAT 300  
 CTATTTATGA TGCTTTACGA CAAAGTTTCA ATATCCCAGC TTAAAAGCT TGGCAATCAG 360  
 40 TTAAGCAAAA TGCTGGTAAT GATGCACCTA AGAAATTCGC TGCCAAACTT GGCTTAAACT 420  
 ACGAAGGCGA TATTGGTCCA TCTGAAGTAC TTGGTGGTTC TGCTTCAGAA TTCTCACCAA 480  
 45 CACAATTAGC ATCAGCATTT GCTGCAATCG CTAACGGTGG TACTTATAAC AACGCGCATT 540  
 CAATTCAAAA AGTAGTTACT CGTGATGGTG AAACAATCGA ATACGATCAT ACTAGCCATA 600  
 AAGCGATGAG TGATTACACT GCATACATGT TAGCTGAGAT GCTAAAAGGT ACATTTAAAC 660  
 50 CATATGGTTC TGCATATGGC CATGGTGTAT CTGGAGTAAA TATGGGTGCT AAGACAGGTA 720  
 CTGGTACTTA CGGTGCTGAA ACTTATTCAC AATATAATTT ACCTGATAAT GCAGCGAAAG 780

AAGTTAAACA ATATGGTGAA AACTCATTG TGGACATAG CCAACAAGAA TATCCACAGT 900  
 TCTTATATGA AAATGTGATG TCAAAAATTT CATCTAGAGA TGGCGAAGAC TTAAACGTC 960  
 5 CTAGCTCAGT AAGTGGTAGT ATCCCATCAA TCAATGTTTC TGGTAGTCAA GATAACAACA 1020  
 CTACAAATCG TAGTACACAC GGTGGTAGTG ACACATCAGC AACAGCAGT GGTACTGCAC 1080  
 AATCAAATAA CAATACTAGA TCTCAACAAT CTAGAAACAG CGGTGGATTA ACAGGTATAT 1140  
 10 TCAACTAATC CACTCAACAT AAAATCCTCA GTTATACCAT ATTTATGGTG TAGCCGAGGA 1200  
 TTTTnTTAGG TTCTTCATCT TTTATGG 1227

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 374:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1953 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 374:

25 CCATATGGtG CAACATTCTT CGTATTTAGT GATTATTTAA AACCAGCGTT ACGTTTATCA 60  
 TCAATTATGG GATTAAATgC aACGTTcATC TTCACACATG AyTCaATTGC AGTAGGTGAA 120  
 GATGGTCCTA CTCATGAACC AATTGAGCAA TTAGCTGGAT TAAGAGCCAT TCCAAATATG 180  
 30 AATGTTÄTCC GTCCTGCTGA TGGTAATGAA ACAAGAGTAG CATGGGAAGT TGCCTTAGAA 240  
 TCTGAATCTA CACCTACTTC ATTAGTATTG ACACGTCAAA ACTTACCGGT ATTAGATGTA 300  
 CCAGAAGATG TAGTTGAAGA AGGCGTTCGA AAAGGTGCCT ATACAGTTTA TGGCTCTGAA 360  
 35 GAGACACCAG AATTCCTATT ATTAGCTTCA GGTTCAGAAG TTAGTCTTGC AGTTGAAGCT 420  
 GCTAAAGATC TTGAAAAACA AGGTAAATCA GTACGTGTTG TTTCAATGCC TAACTGGAAT 480  
 GCATTTGAAC AACAATCTGA AGAATATAAA GAATCAGTTA TTCCATCAAG CGTAACAAAA 540  
 40 CGTGTGCGA TTGAAATGGC TTCACCGCTT GGATGGCATA AATATGTAGG TACTGCAGGT 600  
 AAAGTTATTG CTATTGACGG CTTTGGCGCA AGTGACCTG GCGATTTAGT AGTTGAAAAA 660  
 45 TATGGATTTA CAAAAGAAAA TATCTTAAAC CAAGTTATGA GCTTATAAGA ATAATTTATA 720  
 AAGCGAGTAT GTTTAGAAGT CTAGGATGCA TAATCTTAGG CTTCTTTTAA AGTGTTGAAA 780  
 TTTAGAGTAT AGCACTTAAA CTACATCATA AGTGATAAGT TATGAAAGTA TACTATTCA 840  
 50 GATTAATCTT TAAAAGCTCT GTTATAACAG CATGATTTTT GATATTATTT TTAGTATCGA 900  
 TATTAAAATA CTTGAATAAA CTAGTTCTTG AAATAATGTG ATGAATTTAG TAAAATTCAG 960

TGCATTAATT TTAGGTTTAA TTGGAGGTTT CCTTTTAGCT AGAAAATATA TGATGGACTA 1080  
 CTTGAAGAAA AACCCACCAA TCAACGAAGA AATGCTTCGT ATGATGATGA TGCAAATGGG 1140  
 5 TCAAAAACCT TCTCAGAAGA AAATTAATCA AATGATGACG ATGATGAATA AAAATATGGA 1200  
 TCAAAATATG AAGAGTGC GA AAAAGTAAAT TCGCAATTGA TAGAGGCTAT TTTCCAGATA 1260  
 TGGAAATGGC CTCTTTTAT AATCAAATTA ATAAGAATAA ATATGTTTAT TAAAATTAAA 1320  
 10 GTTAACAAAA TGACGAATAG ACTGAGAAAT GCTATAATTC ATTTTGTATG ATTTACAGAG 1380  
 AGTTTATTTA ACGAGAAGGT GTCyGCGTGC TCTATTTAAT ATTTTCAATC ATTGTAGCTT 1440  
 TATTTATGGG AACTATAGTT ATAGTTATTC GATGAAAGC TCAAATTAT CCGGTAAAG 1500  
 15 AGAAAAAAT AGTTTTGCCa CCGTTTTTTA tGGCgACCGG TGCATTGATG TACGTCGTTC 1560  
 CaTATTTTAG GCTAACAGGA TCGGAAATGC TAGAAGCCTT TATAATTGGT TTGCTTTTTT 1620  
 20 CLACAGTTCT AATTTGGACT TCTCGATTG AAGTCAAAGG TACAGAAAT TATATGAAAC 1680  
 GATCTAAAGC ATTTCCAGTT ATTTTGATT CATTACTTAT CATTTCGTACT GTGATGAAAA 1740  
 TATTCATTAG TAATGAAATA GATCCTGGAG AATTAGGCGG CATGTTCTTT TTATTAGCAT 1800  
 25 TCTGTATGAT TGTTCTTGG AGAGCAGCAA TGCTATATAA ATACAAAAAA CTAAAGAAAA 1860  
 CATTAAATCAA TTAATTACTT TTaAAACCAC TTGTGATCGA CTTCTAAATC AGTCAATGAG 1920  
 TGGGTTTAAT nTTACTTGGA AAAGGnGGAA AGG 1953

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 375:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3787 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 375:

ACATTTGATC AantTATCGA CATTAAAGAT GAATTCantT GATCGTnTCA ATGATTATCC 60  
 TGTTGAAGTA GCACGTTTGC TTGATATAGT GGAmATaAAA GTACACGCAT TACATTCAGG 120  
 45 TATCCACGTT GATTAAAGAT AAAGGGAAAA TAATTGATAT TCATTTATCT GTAAAAGCCA 180  
 CTGAAAATAT TGATGGCGAA GTGCTGTTCA AAGCAACACA ACCTTTAGGT AGAACAATGA 240  
 AGGTTGGTGT TCAAAATAAT GCAATGrCAA TTACTTTAAC GAAACAAAAT CAATGGCTTG 300  
 50 ATAGTTTGAA GTTTTTAGTT AAGTGCATTG AAGAAAGTAT GAGAATCAGT GATGAAGCAT 360  
 AAAGAAGCAT TTAATGGCGT TGTCGTGTTA ACTGCTGCAT TAATTGTCAT TAAAATTCTG 420

	CAACAAGTGT ATCCAATTGT AGCATTAGGA ATGATATTAT CGATGAATGC CATTCCCTAGT	540
	GCAATTACAC AAAATATAGG GAAGTATCAT AGTGACGAAG CATATGCAAA AGCAGTCGCT	600
5	TATATACAAT TAGTTGGTAT ATTATTATTT ATTGCTATTT TTGTGTTTGC GAACAATATT	660
	GCACATATGA TGGGTGATGG CCATTTAACA CCAATGATTC AAGCTGCAAG TTTAAGCTTT	720
	ATATTTATAG GTATGCTTGG CGTGTTAAGA GGTATTATTC AATCTGCAAA TAATATGACA	780
10	GTTCCGGCTA TTTCCAGGT TATAGAACAA GTTATACGAG TAGGTATTAT CATTGTTACT	840
	ATTGTTATTT TTGTAGACAG AGGTTGGACG ATATATGAAG CGGGAACAAT TGCTATTTTA	900
15	GCATCAACGA TAGGTTTTTT AGGTTCTTCA ATTTATTTAG TAGCGCACCG ACCTTTTAAG	960
	TTTAAATGG TAAATAACAC TGCAAAGATC GTTTGGAAAC AGTTCGCACT TTCGGTTTTG	1020
	ATTTTCGCTA TCAGTCAATT AATCGTAATT TTATGGCAAG TGATTGATAG TGTACTATT	1080
20	ATTAAGTCAC TTCAAGCGAT ACGCGTGCCA TTCGATGTTG CCATAACTGA AAAAGGAGTC	1140
	TATGACCGTG GTGCATCATT TATTCAGATG GGATTGATTG TAACTACAAC ATTTAGTTTT	1200
	GCGCTCATT CTCTGTTAAG TGACGCAATC AAAATGAATA ATCAGGTACT TATGAATCGT	1260
25	TATGCAAATG CGTCATTAAA GATTACGATT TTAATAAGTA CAGCAGCGGG AATAGGATTA	1320
	ATTAATTTAT TGCCTTTAAT GAACGGTGTG TTTTTAAGA CGAATGATT AACCTTAACG	1380
	TTAAGTGTTT ATATGATTAC GGTCATTTGT GTATCGTTAA TTATGATGGA TATGGCATT	1440
30	TTACAAGCGC AACATGCTGT GAGACCTATT TTGTGTTGTA TGACGGCAGG ATTGGTTATT	1500
	AAATTTATAC TTAATATCAT TTTGATTCGT TTAAGTGGA TTATTGGTGC GAGCATTAGT	1560
	ACTGTTGTAT CATTAAATTAT ATTCGGTACG ATTATCCATA TTGCTGTCAC GAGAAAATAC	1620
35	CACTTATATG CGATGAGACG ATTTTTTATC AATGTTGTTT TAGGTATGGT ATTTATGTCG	1680
	ATTGTTGTTT AATGCGTGT AAACATAGTG ACAACACACG GTAGAATCAC TGGACTCATT	1740
40	GAATTATTAT GTGCAGCAGT ATTAGGTATC ATTGCATTGT TTTTCTATAT TTTTAGATTT	1800
	AATGTTTTGA CATATAAAGA GTTAACTTAT TTACCATTTG GTTCAAAGTT GTATCAAATT	1860
	AAGAAAGGAA GACGTTGATG GCACATACCA TTACGATTGT TGGCTTAGGA AACTATGGCA	1920
45	TTGATGATTT GCCGCTAGGG ATATATAAAT TTTTAAAGAC ACAAGATAAA GTTTATGCAA	1980
	GAACGTTAGA TCATCCAGTT ATAGAATCAT TGCAAGATGA ATTAACATTT CAGAGTTTTG	2040
	ACCATGTTTA TGAAGCACAT AACCAATTG AAGATGTCTA TATTGATATT GTGGCGCAAT	2100
50	TGGTTGAAGC TGCTAATGAA AAAGATATTG TCTATGCGGT TCCGGGTCAT CCTAGAGTTG	2160
	CTGAGACAAC TACAGTGAAA TTA CTGGCTT TAGCAAAGGA CAATACTGAT ATAGATGTGA	2220

55

	ATGATGGCTT CACACTGTTA GATGCGACAT CATTACAAGA AGTAACACTT AATGTTAGAA	2340
	CGCATACATT GATTACGCAA GTTTATAGTG CAATGGTTGC TGCTAATTG AAAATCACTT	2400
5	TAATGGAACG ATATCCTGAT GATTACCCTG TTCAAATTGT CACTGGTGCA CGAAGCGATG	2460
	GTGCGGATAA CGTTGTGACA TGCCCATTAT ATGAATTGGA TCATGATGAA AATGCATTCA	2520
	ATAATTTGAC GAGTGTATTC GTACCAAAAA TCATAACATC GACATATTTG TATCATGACT	2580
10	TTGATTTTGC AACGGAAGTG ATTGATACTT TAGTTGATGA AGATAAAGGT TGTCCATGGG	2640
	ATAAAGTGCA AACGCaTGmA AcgCTAAAGC GTTATTTACT TGAAGAAACA TTTGAATTGT	2700
	TCGAAGCTAT TGACAAATGAA GATGATTGGC ATATGATTGA AGAACTAGGA GATATTTTAT	2760
15	TACAAGTGTT ATTGCATACT AGTATTGGTA AAAAAGAAGG GTATATCGAC ATTAAAGAAG	2820
	TGATTACAAG TCTTAATGCT AAAATGATTC GTAGACACCC ACACATATTT GGTGATGCCA	2880
20	ATGCTGAAAC TATCGATGAC TTAAAGAAA TTTGGTCTAA GCGGAAAGAT GCTGAAGGTA	2940
	AACAGCCAAG AGTTAAATTT GAAAAAGTAT TTGCAGAGCA TTTTAAAT TTATATGAGA	3000
	AGACGAAGGA TAAGTCATTT GATGAGGCCG CGTTAAAGCA GTGGCTAGAA AAAGGGGAGA	3060
25	GTAATACATG AGATTAGATA AATATTTAAA AGTATCACGG TTAATAAAGC GACGTACGCT	3120
	AGCAAAAGAA GTAAGTGATC AAGGTAGAAT TACAATAAAT GGTAATGTTG CTAAAGCTGG	3180
	ATCGGATGTT AAAGTTGAAG ATGTGCTGAC GATTCGCTTT GGTCAAAAAT TAGTAACAGT	3240
30	TAAAGTAACT GCATTAAATG AACATGCATC TAAAGATAAC GCGAAGGGTA TGTATGAAAT	3300
	CATTGAAGAG CGTCGACTTG AAGAAGCGTA AATTGGAGGT GACAAGCAAT GAAAAATAAA	3360
	GTAGAACATA TAGAAAATCA GTACACGTCG CAAGAGAACA AGAAAAACA ACGTCAAAAA	3420
35	ATGAAAATGC GTGTTGTTcG TAGGCGTATT ACAGTATTTG cGGGCGTATT aCTTGCGATA	3480
	ATTGTTGTTT TATCaATCTT GCTTGTGTC CAAAAACATC GCAATGATAT TGATGCACAG	3540
	GAGCGAAAAG CGAAAGAAGC ACAGTTTCAA AAGCAACAAA ATGAAGAAAT TGC GTTAAAA	3600
40	GAAAAGTTGA ATAATCTGAA TGACAAAGAT TACATTGAAA AAATTGCGCG TGATGATTAT	3660
	TACTTAAGCA ACAAAGGTGA AGTGATTTTT AGGTTGCCAG AAGACAAAGA TTCGTCTAGC	3720
45	TCAAAATCTT CGAAAAATA AATCCAAATT GATTCAAAAT TATCCGAGTA TAGACATTGT	3780
	GAAAAAA	3787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 376:

- 50 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1644 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 376:

5	TAAACCATTT CAAACTGAGG AACGCAAGA CCGsACgTTT CCAGATTTAG AAGTATTTAA	60
	AAATGAATGT GATTTAAGCT ATGACATAAC GTCACTTTAT ACTTTTAAGC AACCTGTATC	120
	ACCACACCTT GCATTTAAAA TGACAGATCA AATTTTCTA AATAAGCAGC GTGTATTAGA	180
10	TAAGGTAAAA GTTTTAGATA AGGAATTTGA TTTTATCTTA ATTGAGGGTG CTGGGGGAAT	240
	TGCCGTACCA ATATATGAAG GTACAGATGA TTTCTACATG ACTAAAGATC TAATCAATGA	300
	TTGTGCAGAT TGTGTCATCA GTGTGTTGCC ATCAAAATTA GGTGCTATTA GCGATGCCAT	360
15	TGTTACCAA GATTATGTTA ATCAGAATGT ATCGGCGAGT AATTTTTTAA TAATGAATCG	420
	CTATACAGAC AGCTATATTG AAAAAGACAA TCAAATGACG ATTGGAAAAT TAACAAATAA	480
20	AACAGTCTAT ACATTTGAAG AACATGCCAC GTATGAAAAT TTCTCAGAAG CATTTTTTAA	540
	ACAATTAATA GGAGTTAAAA ATGAATTACA CACAACAACT TAAACAAAAA GACTCAGAAT	600
	ATGTTTGGCA TCCATTTACA CAAATGGGTG TATATAGCAA AGAAGAAGCA ATCATCATTG	660
25	AAAAAGGAAA GGGTAGTTAC CTTTACGATA CGAATGGCaA TAAATATTTA GATGGTTATG	720
	CATCGTTGTG GGTCAATGTG CATGGTCATA ATAACAAATA CTTnAATAAG GTAATTAAAA	780
	AGCAACTCAA TAAAATTGCC CATTCTACGC TGCTAGGATC ATCAAATATT CCGTCAATAG	840
30	AAC TTGCGGA AAAATTAATC GAAATCACGC CAAGTAATCT AAGAAAAGTA TTTTATTCTG	900
	ATACAGGCAG TGGCTCTGTT GAAATCGCAA TAAAGATGGC ATATCAGTAT TGGAAAAATA	960
	TTGATAGAGA AAAATATGCC AAGAAAAACA AGTTTATAAC GCTAAATCAC GGTTATCATG	1020
35	GGGATACGAT TGGTGCGGTA AGTGTGTGGTG GTATCAAGAC CTTTCATAAA ATATTTAAAG	1080
	ACTTAATATT TGAGAATATT CAAGTAGAAA GCCCATCTTT CTATCGCAGT AATTACGATA	1140
40	CTGAAAATGA AATGATGACA GCTATTTTAA CGAATATAGA GCAAATTCTA ATTGAAAGAA	1200
	ATGATGAAAT CGCAGGGTTT ATATTGGAAC CGTTGATTCA AGGTGCGACA GGCTTGTTTG	1260
	TTCATCCTAA AGGCTTTTTG AAAGAAGTCG AGAAATTGTG CAAAAAATAC GATGTCTTAT	1320
45	TAATTTGTGA TGAGGTAGCA GTTGGTTTTG GGAGAACTGG AAAGATGTTT GCATGCAATC	1380
	ATGAAGATGT TCAACCGGAT ATTATGTGTT TAGGTAAGGC GATTACTGGT GGCTACTTAC	1440
	CACTTGCAGC TACATTGACA TCTAAAAAAA TATACAATGC ATTTTTAAGT GATTTCGCATG	1500
50	GTGTGAATAC CTTTTTCCAT GGTCaTACAT ACaCCGGAAA TCAAATcGTT TGTaCGGTTG	1560
	cATTaGaAAA TATaAGaCTT TATGaAAAAC GTaAGTtnAT TGTgCACATa TTGaAACGaC	1620

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 377:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 431 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 377:

ATGATTTTtA aAAATCATTa AGTTAAGGTt GATACACATC TTGTCATATG ATCAAATGGT 60  
 TTCGCCAAAA ATCAATAATC AGACAACAAA ATGTGCGAAC TCGATATTTT ACACGACTCT 120  
 CTTTACCAAT TCTGCCCCGA ATTACACTTA AAACGACTCA ACAGCTTAAC GTTGGCTTGC 180  
 CACGcmTTAC TTGACTGTAA AACTCTCACT CTTACCGAAC TTGGCCGTAA CCTGCCAACC 240  
 AAAGCGAGAA CAAACATAA CATCAAACGA ATCGACCGAT TGTTAGGTAA TCGTCACCTC 300  
 CACAAAGAGC GACTCGCTGT ATACCGTTGG CATGCTAGCT TTATCTGTTC GGGCAATACG 360  
 aTGCCCATTG TACTTGTTGA CTGGTCTGat ATCcGTGAGC AAAAACGGCT TATGGTnTTG 420  
 CGAGCTTCAG T 431

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 378:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2006 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 378:

TTTnTATAAC GTATTATAAA TCGTTAAAAA TTTTGGTTGT GTTTCCTCA CGTAGACAAC 60  
 CTCCATAAAG TTACTIONATC ACTCTCATCA TACAATAATT TTTACTCAA TTGGAAnAAT 120  
 TATAAAATT AAATATAGAT AGGCTTTGAA AATTAGTTTT ATACAAGGTT AGTAGCTGTA 180  
 ACTGTAAAAT GTTCTTAATA TTGTCAAAT GTAATGCTTG AAAGCGCTTT TAAAnAATAT 240  
 TATTATATAC ATGGTTAGAC AAATAGACAA ATCACTATAC AAATATTGGG AGGAATATTT 300  
 TATGAAATCA ACACCACACA TTAACCAAT GAATGACGTC GAAATTGCAG AAACGGTTCT 360  
 ATTGCCAGGA GATCCGTTAA GAGCTAAGTT CATTGCAGAA ACTTATTTGG ATGATGTGGA 420  
 ACAGTTCAAT ACAGTGCAGAA ACATGTTTGG TTTTACCGGA ACATATAAAG GTAAAAAAGT 480  
 TTCTGTCATG GGTCAGGTA TGkGTATGCC ATCTATTGGC ATTTACTCTT ATGAATTAAT 540



	CATTGATTTA TATGATGTGA TTaTTkCACA AGGTGCCTCT ACTGATTCAA ATTACGTTCA	660
	ACAATATCAA TTACCAGGTC ATTTTGCGCC AATTGCTTCT TATCAATTAT TAGAAAAAGC	720
5	AGTTGAAACA GCACGTGACA AAGGTGTACG TCATCATGTA GGTAATGTGT TATCAAGTGA	780
	TATTTTCTAT AACGCGGATA CAACAGCGAG TGAACGTTGG ATGCGTATGG GTATTTTAGG	840
	TGTAGAAATG GAATCaGCTG CaTTATACAT GaATGCAaTT TACGCTGGTG TCGAAGCATT	900
10	AGGTGTGTTT ACAGTGAGCG ATCATTTAAT TCATGAAACG TCAACAACAC CTGAGGAAAG	960
	GGAACGTGCA TTTaCAGATA TGATTGAAAT TGCACGTGCA TTGGTGTAGA TGATTATGAA	1020
	TGTTGAATAT TCTAAAATAA AGAAAGCAGT ACCTATTTTA TTATTCTTAT TTGTATTCAG	1080
15	TTTGGTTATA GACAACTCAT TTAAATTGAT TTCTGTAGCC ATTGCTGATG ACTTAAACAT	1140
	ATCTGTAACG ACAGTAAGTT GGCAAGCGAC ATTAGCCGGT TTAGTAATTG GTATTGGCGC	1200
20	TGTAGTATAC GCTTCATTAT CTGATGCCAT TAGTATACGC ACACTATTTA TTTATGGCGT	1260
	GATATTAATC ATTATCGGAT CAATTATTGG TTACATTTTC CAACATCAAT TCCCATTACT	1320
	TTTAGTTGGA CGTATTATTC AAAC TGCCGG TTTAGCTGCT GCAGAGACAT TATATGTGAT	1380
25	ATATGTTGCA AAGTATCTTT CTAAAGAGGA CCAGAAGACT TACCTTGGCT TAAGTACGAG	1440
	CAGTTATTCC TTGTCATTAG TTATCGGTAC ATTATCAGGT GGATTTATTT CTACGTATTT	1500
	ACACTGGACA AATATGTTTT TAATTGCATT AATCGTAGTA TTTACGTTGC CATTCCTATT	1560
30	TAAATTATTA CCAAAGAAA ATAATACGAA TAAAGCTCAT TTAGATTTTG TTGGCTTAAT	1620
	TCTAGTGGCA ACTATTGCTA CAACAGTCAT GCTGTTTATT ACGAACTTTA ATTGGTTATA	1680
	TATGATTGGT GCCTTAATTG CGATTATCGT TTTTGCCTA TATATTAAAA ATGCGCAACG	1740
35	TCCATTAGTA AATAAATCAT TTTTCCAAAA TAAACGTTAT GCTTCATTTT TATTTATAGT	1800
	ATTTGTAATG TATGCTATCC AATTGGGTTA TATTTTACG TTCCCATTCA TAATGGAGCA	1860
	AATTTATCAT CTGcAACTAG ACACAACATC ACTGTTATTA GTACCGGGgT TaTATAGTAG	1920
40	CAGTCATTGT TGGtGgCACT AAGTGGgTtA AAATCGGgCG rAATATCTGG AATTCCAAAA	1980
	CCAAGCGGAT TATCACAGCC AATTAA	2006

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 379:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4858 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	TGGGGAAAAA AAGACCCAGC AGTATTAGAA GAATCGTTAA ATATTTCTAT TGAAGAAATG	60
	AATCGTATCA TAAAATTAGT CGAAGAATTA CTTGAATTGA CTAAAGGAGA TGTAATGAC	120
5	ATTTCTTCTG AAGCACAGAC CGTGCATATT AATGATGAAA TCGCTCGCG AATACACTCA	180
	TTAAAACAAT TGCATCCTGA TTATCAATTT GATACGGATC TGACATCTAA AAATCTAGAA	240
10	ATTAAATGA AACCTCATCA ATTCGAACAA TTATTTTAA TCTTTATTGA TAATGCAATC	300
	AAATATGATG TGAAGAATAA GAAAATTAAA GTTAAGACAA GGTTAAAAAA TAAGCAAAAA	360
	ATAATTGAAA TTACAGATCA TGGAATTGGT ATTCCAGAGG AAGATCAAGA TTTCAATTTT	420
15	GATCGCTTTT ATCgAGTGGT TAAATCTCGT TCAAGAAGTC AAGGCGGTAA TGGACTCGGA	480
	TTATCTATTG CTCAAAAAAT CATTCAATTA AACGGAGGAT CGATTAAAAT TAAAAGTGAA	540
	ATTAACAAAG GAACAACGTT TAAATCATA TTTTAATCAT GACTGAGACG TCAATCAAAG	600
20	TCATAGGATC AATTTTTTAA GTACACATTA GCTGTGACTA ATGTATAAGA ACAACTATAA	660
	AACAAATAAA CAGTGGTTCT TTATCATTTT TGTGTACTC CCAAATTTA CAATAAATA	720
	CATCTATAAA CCTAGAAGAA TCAACGCTTT TGTGATTCT TCTTTTAGC AGATAAATAG	780
25	GTAAATCTAC TTTAACAAAT AACTAAATAG TGATATTATT ACATTGTAAG CGTTTCAACA	840
	TTTTTGTTGA GGGTGTA AAA TGAATAACGA AAGAAAAGAA GTTTCAGAGG CTCCTGTAAA	900
30	CTTCGGTGCG AATTTAGGTC TAATGTTAGA TCTATATGAT GACTTTTTTAC AAGATCCATC	960
	ATCTGTACCA GAAGATTTAC AAGTCTTATT CAGCACAATT AAGAATGATG ACTCAATTGT	1020
	ACCAGCTTTA AAAAGTACAA GTAGTCAAAA TAGCGACGGC ACAATTAAGC GTGTCATGCG	1080
35	TTTAATTGAT AATATTGCGC AATACGGGCA TCTTAAAGCC GATATTTATC CTGTAAATCC	1140
	TCCAAAAAGG AAACATGTAC CTAAATTAGA GATTGAAGAC TTTGATTTAG ATCAACAGAC	1200
	TTTGGAAGGT ATATCAGCAG GAATTGTTTC AGATCACTTT GCCGACATTT ATGATAATGC	1260
40	TTATGAAGCA ATTTTAAGAA TGGAAAAACG TTACAAAGGA CCAATTGCAT TTGAGTATAC	1320
	ACATATTAAT AACAATACCG AACGTGGTTG GTTAAAAAGA AGAATTGAAA CGCCATATAA	1380
45	AGTAACGTTA AATAATAACG AAAAAAGGGC ACTATTCAAA CAATTAGCGT ATGTTGAAGG	1440
	GTTTGAAAAA TATCTTCATA AAAACTTCGT TGGTGCAAAG CGTTTTTCAA TTGAAGGGGT	1500
	AGACGCACTT GTACCGATGT TACAACGTAC TATTACGATT GCTGCGAAAG AAGGTATTAA	1560
50	AAATATACAA ATAGGCATGG CTCACCGTGG ACGTTTAAAC GTTTTAACGC ATGTCTTAGA	1620
	AAAACCGTAC GAAATGATGA TTTCAGAATT TATGCATACA GATCCAATGA AATTCTTACC	1680
55	TGAAGATGGT AGCTTGCAGT TAACTGCTGG ATGGACTGGT GATGTGAAAT ATCACCTTGG	1740

	AAGTCACTTG	GAAATTGTTG	CACCTGTTGT	TGAGGGGCGT	ACGAGAGCAG	CACAAGATGA	1860
	TACACAACGA	GCTGGGGCTC	CGACGACTGA	TCATCATAAA	GCAATGCCAA	TTATTATACA	1920
5	TGGCGATGCT	GCTTATCCTG	GTCAAGGAAT	TAACCTCGAA	ACAATGAACT	TAGGAAACTT	1980
	GAAAGGCTAT	TCTACGGGTG	GTTCAATTGCA	TATTATTACT	AACAATAGAA	TTGGATTTC	2040
	TACAGAACCA	ATTGATGCAC	GTTCAACAAC	TTATTCTACA	GATGTGGCCA	AAGGTTATGA	2100
10	TGTGCCAATA	TTCCATGTCA	ATGCAGATGA	CGTTGAAGCT	ACTATTGAAG	CAATTGATAT	2160
	TGCAATGGAA	TTTAGAAAAG	AGTTTCATAA	AGACGTCGTT	ATTGATTTAG	TAGGTTATCG	2220
15	TCGTTTCGGA	CATAACGAAA	TGGATGAACC	ATCAATTACT	AATCCaGTTT	CTTATCAGAA	2280
	TATTTCGAAA	CATGACTCTG	TTGAATATGT	GTTTGGTAAA	AAGCTTGTTA	ATGAAGGTGT	2340
	CATTTTCAGAA	GATGAAATGC	ATTCAATTTAT	AGAACAAGTC	CAAAAGGAAC	TAAGACAAGC	2400
20	TCATGATAAA	ATTAATAAAG	CTGATAAAAT	GGATAATCCA	GATATGGAAA	AGCCTGCAGA	2460
	TCTTGCAATTA	CCGTTACAAG	CAGACGAACA	ATCATTTACT	TTTGATCACT	TGAAAGAAAT	2520
	AAATGATGCA	TTGTAAACAT	ATCCGGATGG	CTTTAACATT	TTGAAAAAGT	TAAACAAAGT	2580
25	TCTTGAGAAG	CGTCATGAGC	CGTTTAATAA	AGAAGATGGT	TTAGTTGATT	GGGCACAAGC	2640
	AGAACAACCTT	GCATTTGCGA	CAATTTTACA	AGATGGTACA	CCGATTCGCT	TAACTGGTCA	2700
	AGATAGTGAA	CGTGGTACAT	TCAGTCATAG	GCATGCCGTG	TTACATGATG	AGCAAACAGG	2760
30	TGAAACATAT	ACACCTTTAC	ATCATGTTCC	TGATCAAAAA	GCGACATTTG	ATATACACAA	2820
	TTCTCCGCTT	TCAGAAGCAG	CAGTAGTTGG	TTTTGAATAC	GGCTATAATG	TGGAAAACAA	2880
35	AAAAAGCTTC	AATATTTGGG	AAGCACAAATA	TGGTGATTTT	GCAAATATGT	CACAAATGAT	2940
	TTTTGACAAC	TTCTTATTCA	GTTCTCGCTC	AAAATGGGGA	GAACGTTTCA	GATTAAACAT	3000
	ATTCTTACCT	CATGCATATG	AGGGTCAAGG	GCCTGAACAT	TCATCAGCAA	GATTAGAGCG	3060
40	ATTTTITACAA	TTAGCTGCTG	AAAATAATTG	CACAGTTGTC	AACTTATCTA	GTTCAAGTAA	3120
	TTATTTCCAC	TTATTGCGTG	CACAAGCGGC	TAGTTTATAG	TCTGAACAAA	TGCGACCATT	3180
	GGTTGTTATG	TCACCAAAAA	GCTTACTGAG	AAATAAAACA	GTTGCAAAAC	CAATTGATGA	3240
45	ATTTACTTCT	GGTGGATTTG	AGCCAATTTT	GACAGAATCA	TATCAAGCGG	ATAAGGTTAC	3300
	AAAAGTTATT	TTGGCAACTG	GTAAATGTT	CATTGATTTA	AAAGAAGCAT	TAGCTAAAAA	3360
50	TCCAGACGAA	TCAGTATTAC	TCGTTGCGAT	TGAAAGATTG	TATCCATTCC	CAGAGGAAGA	3420
	GATTGAAGCA	TTACTAGCAC	AATTGCCAAA	CCTTGAAGAA	GTGTCATGGG	TACAAGAAGA	3480
	ACCTAAAAAT	CAAGGTGCAT	GGTTATATGT	CTATCCATAT	GTTAAAGTGC	TAGTTGCAGA	3540

55

	AGAAATTCAT AAACCTTGTTT AAAATAAAAT TATAGAAAAT GCATTAAAAA ATAAGTAGGG	3660
	GGAAATAAGT CATGCCAGAG GTTAAAGTTC CAGAATTAGC AGAATCTATT ACAGAAGGTA	3720
5	CCATTGCAGA ATGGTTGAAA AACGTAGGGG ATAGCGTAGA AAAAGGTGAA GCTATTCTTG	3780
	AATTAGAAAC TGATAAAGTT AATGTCGAAG TTGTATCTGA AGAAGCAGGT GTATTATCTG	3840
	AACAACTTGC AAGTGAAGGC GACACTGTAG AAGTTGGACA TCAATTGCT ATCATCGGCG	3900
10	AAGGTAGTGG CAATGCTTCT AAAGAAAATA GTAACGACAA TACTCCACAA CAAAATGAAG	3960
	AAACAAATAA TAAAAAAGAA GAAACAACAA ATAATTCGGT AGATAAAGCT GAAGTAAATC	4020
15	AAGCAAATGA TGACAATCAG CAACGTATTA ATGCTACGCC TTCTGCGCGT CGATATGCTC	4080
	GTGAAAATGG TGTGAATCTT GCTGAAGTAA GTCCGAAAAC AAATGATGTG GTTCGTAAAG	4140
	AAGATATTGA TAAGAAACAA CAGGCACCGG CATCAACACA AACAAACAA CAAGCATCTG	4200
20	CAAAAGAAGA GAAAAAATAC AATCAATATC CTACAAAACC AGTGATTCGT GAAAAATGT	4260
	CACGTAGAAA GAAAACAGCT GCCAAAAAT TATTAGAGGT ATCTAATAAT ACAGCTATGT	4320
	TAACAACATT TAACGAATG ACATGACAAA TGTTATGGAA TTGCGTAAAC GTAAGAAAGA	4380
25	ACAATTTATG AAAGATCATG ATGGTACTAA ATTAGGATTT ATGTCATTCT TTAATAAGC	4440
	TTCTGTAGCA GCTTTGAAAA AGTATCCAGA AGTTAATGCA GAAATCGACG GCGACGACAT	4500
	GATTACGAAA CAATATTATG ATATTGGTGT AGCTGTTTCT ACAGATGATG GATTATTAGT	4560
30	ACCATTTGTA AGAGATTGTG ATAAAAAGAA TTTTGCAGAA ATCGAAGCAG AAATTGCTAA	4620
	TTTAGCAGTT AAAGCAGCAG AGAAAAAAT TGGCTTAGAT GATATGGTTA ATGGTTCATT	4680
35	TACGATTACA AATGGCGGTA TTTTGGATC AATGATGAGT ACGCCAATTA TCAATGGTAA	4740
	TCAAGCTGCA ATCTTAGGCA TGCATTCAAT TATTACAAGA CCAATTGCGA TTGATCAAGA	4800
	TACAATCGAA AATCGTCCAA TGATGTATAT TGCATTAAGC TATGATCATA GAATTATT	4858

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 380:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2222 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 380:

ATCAGTCACA CGGTAGGCAT ATAAATGAG TCGTTTCTAC AACATTTTAA AACAGTTCAT	60
TCAATATTAT TTTTATCTAA TAATATATTT GGGAGGATTA TACCTTTATA CACACCATGC	120

	ATGCTATTTA GCTAAAGCTA AAAGACCAGA CACTATGCAT ATTTCAACTG GAAATATGTG	240
	GCGATACTTA GTTGCAATTA TTGCCTGTAT GATTTCGTAC CTTAATAAAG CGCATGTAAG	300
5	TATCATCGGT ATAATTATTG GTTTAATGAT TTCATATGTT GTAGTTATCA TACGTCCTTT	360
	ACTAAAGGTG AGCAAATAAA TTAAGAAAGA GGTGAGATTA TGGATCACAA ATCCCCGCTC	420
	GTGAGTTGGA ATTTATTCGG TTTTGaTATC GTTTTCAATT TATCAAGTAT ATTGATGATA	480
10	CTTGTTACGG cGTTTCTTGT TTTTCTACTT GcTATCATTT GTACGCGTAA TTTGAAAAAA	540
	AGACCAACTG GCAAACAAA TTTCGTTGAA TGGATTTTGT ATTTTCGTGAG GGAATCATT	600
15	GAAGGTAACA TGGCTTGGAA AAAAGGTGGT CAATTCCACT TCTTAGCAGT AACGCTGaTT	660
	CTGTACATTT TTATAGCTAA TATGTTAGGT CTTCCGTTTT CTATAGTAAC GAAAGATCAC	720
	ACATTGTGGT GGAAATCACC GACAGCnGAT GCAACAGTGA CTTTAACGTT GTCTACAACG	780
20	ATAATACTGT TAACTCACTT TTATGGAATT AAAATGCGTG GTACGAAACA ATATCTTAAA	840
	GGTTATGTAC AGCCGTTTTG GCCATTGGCA ATTATTAATG TTTTGAAGA GTTCACTTCA	900
	ACATTAAACGC TTGGTCTGCG TTTGTACGGT AACATATTTG CAGGTGAGAT ACTATTAACA	960
25	TTACTTGCTG GCTTATTCTT TAACGAACCA GCATGGGGTT GGATTATTAG TATCCCAGGA	1020
	TTAATTGTTT GGCAAGCATT TTCAATATTT GTAGGAACAA TCCAAGCATA TATCTTTATT	1080
	ATGCTTTTCGA TGGTTTATAT GTCACATAAA GTGGCAGATG AACACTAAAA ATTTCAATAA	1140
30	TTATATACAA TCACAGGAGG AAATTAAATT ATGAATTTAA TCGCAGCAGC AATCGCAATT	1200
	GGTTTATCAG CATTAGGAGC AGGTATCGGT AACGGTTTAA TCGTTTCAAG AACAGTTGAA	1260
35	GGTGTAGCAC GTCAACCAGA AGCACGTGGT CAATTAATGG GTATCATGTT CATTGGTGTA	1320
	GGTTTAGITG AGGCATTACC TATCATCGGT GTAGTAATTG CATTATGAC ATTTGCTGGA	1380
	TAATTAACAG ATAAAAGAGG TCGGGACAAA GCGCATAGGA CATAATTCAT GATGCATATA	1440
40	TAGTAATATC TTTGAACTTT ATTAAATAGT TGAGATATGA ACGCACCATG CCTATCGCAT	1500
	AAATTCACTA GGTCCCTAACC TCGTCGTTTT TTTCTATATA AACTAGCGA TTATTTTAAT	1560
	GAAAGGAGTG TCATGAACCC GTGACTGAAA CAGCTAACTT ATTCGTTCTT GGTGCAGCTG	1620
45	GAGGCGTTGA GTGGGGTACT GTGATTGTAC AGGTCCTAAC TTTTCATCGTG TTAcTTGCGT	1680
	TACTTAAAAA GTTCGCATGG GGTCCATTGA AAGATGTAAT GGATAAACGT GAAAGAGATA	1740
	TTAACAGAGA TATCGATGAC GCAGAACAAAG CTAAGTTAAA TGCACAGAAA CTTGAAGAAG	1800
50	AAAATAAACA AAAACTTAAA GAAACACAAG AAGAAGTTCA AAAGATTTTA GAAGATGCTA	1860
	AGGTTCAAGC ACGTCAACAG CAAGAACAAA TTATTCaTGA AGCAAACGTA CGTGCAAACG	1920

55

TTAATAATCa AGTATCTGAA CTATCAGTGT TAATTGCTTC TAAAGTTCTT AGAAAAGAAA 2040  
 TTTCTGAACA AGACCAAAAA GCATTGGTTG ACAAGTATCT AAAAGAGGCA GGCGATAAAT 2100  
 5 AATGGTAAAA GTAGCTAACA AGTATgCTAA AGCATTATTT GACGTGTCAT TAGATACAAA 2160  
 TAATTTAGAG ACTATTAATG AAGAATTAAC AGTTATAAAT GAAGCAGTAA AAGATAAAAT 2220  
 TG 2222

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 381:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 15 (A) LENGTH: 1143 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 381:

TAACAATTCC TaTATTCATG TTTAATACGA AACACTACAT TTACATTGTA ATTCACTATC 60  
 TTTTGAAGTA ATAAAGTGAT TTGTTCAATC GATAGCTCAT TGCTTGTGTC GATTGTAACA 120  
 25 ATTATATGCA AGTTTTTCAGG ATTAACACCT AATCTTTGAA TGATTTGTTT AATAGTATAA 180  
 TAATCCATCC AATAAAAATT ACTTCCTTTA ATATAAATGT TTTTAGGTTG ATACATTGTA 240  
 CTCCTTTTTG TAGGCTCAAA AGGTATATCA ATCTCGCGCA TACTTGAAGA ACTTTGATTA 300  
 30 GTATCATCAA ATAATTCAAT TATATTTTTA TCAATTTCAA CTAATTGGGA ATGGTTAATT 360  
 GAATGAGATG TTGGACTATA TCTTTTTCTA ATTAATTTAG GAGTGTACC ATACGTTTCT 420  
 TTAAAGAGGT GTATAAACG AGAATAATGA TTAAACCAT GACTACTTGC GATTTCTTCA 480  
 35 ATAGGCTTCT TAGrAGTTAA AATATCAATT AAGCAATGCT CCAGTCTAAT ATGATTTAAA 540  
 TATTGAATAA AATTACTATA AGGTGTCGCT TTAAACATGT CACTTAAAGC TTTGTTTGTA 600  
 ATACTAACTT GATTAATGAC ATCTTTCCTA TTTATCTTTT TATGGTGGTT GTTTGTTAAA 660  
 40 TAATCGTGCA CTTCTTCGGC TACTAAATGA CGACTACCAT CGTATGTATT TAATGACATT 720  
 AATTCAACAC ACATGTAATT AATAATCTTA TCATTAGCAT TATAAGACTG TTGTTTAATT 780  
 45 TTGCTGTAGA TTAAATACTT AATCAAGATT CTAAAGTGC TAGCAACCTC ATTTGTTAAT 840  
 ATCTTGCCAC GCATCATATA GTTTGCATTC ATAACTTCA AAAATGTCTT TGCACTTACT 900  
 TCAACAACAC AACATACACT ATCATCATT CCATCAATT GATACAAATC ATTCAACATA 960  
 50 ATAATGGTGA CATCATTTCT TTTTACATCA TATTGTTGTA GATTGATTGA AACTACACCT 1020  
 GTACCTTGTA GCCAATATAT AATTTTtAAG TTCGCTTCCT TCACACTACT CATTTTCATA 1080

ATT

1143

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 382:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 506 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 382:

GGACCACCTT TTTTACCTGT ACGACTAAAG CCAACTGTTT TAAAGGCACC AACAGCATGC 60  
 CACACTTGAA TAATTTCTTG TGATGGTCTA AAGCGAACCG TATAAATTAA TGGATGGAAA 120  
 TCATCAACAA AAATATAATC GGCCTTACCA AGTAAATATG GCAATCTAAA CTTGTCTCTC 180  
 CATTTGCGTC TATCCGTAAT ATTCTCCTTA AATACCGTTT TAATATCATA ATCAAAATCT 240  
 ACTTTTTGGC GTAGTAACTC ATCATATACA TACTTGAAAT TCCCTGATAA ATTCGGACGC 300  
 GAATCTGATG TGAATAATAT TGTTTTGCTT CTTTAAATAT GTAGTAACTT TGTAATATTA 360  
 AAAATAGCTT TAAATAAGAA ACTTCTACTT TCAAATGAAG CTTTATGACC TTGTTTatGA 420  
 AGCCAGTGTG cACTTgTCGC AATGaCCCCCT GaTTTCyCyt GagGtAAGGk GaTTTCmATA 480  
 TCAAATACAA ATTCGTTAAC GTCACT 506

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 383:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 421 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 383:

AGCATCTGCA AtGAGTcTCT AATACAACGA TACGTTTTGC ATCTTTAGGT ACTTTTACTG 60  
 TACCATTTTC ATCTTTTACC GAAATAGTAT CTTTAGTTGA TGATTCTTTT TTAATTGAAT 120  
 TATCCGTATT ACCACAAGCT GCAACTAAAA GTAAGGCAAC TATTAATCCC AATATACTAA 180  
 AAGTTTTTTAG ACCTCTCATC GTTCCACTCC TTAATATGTA TAACTTCATT TATTATTTTA 240  
 TTGATAACAA TTATCATTTG CAAGTAGCGT TCAATCTTTT TTATATTTCT AAAATGTATG 300  
 ACTATATATT TCCTCTAATA ATTATGACTA CAATTAGCAC ATTTCTTAGT ACAAATACT 360  
 GATAATGTAT CATTGCTATA TCATCTTTGC ATTAATACAA TTGACACCAT TTAGCATGAC 420

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 384:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 862 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 384:

TGCATTGAT ACTTTAGCAC ATGAAATTGC TAATCGATTA GTTGCAAATG ACAAGAATGA	60
AGCAACTTTG GAAATGACTA ATAAATGGC AACGATTTCG TTTACAGAAC CTACGCTGAT	120
TGCATTAGCA GGGGGTAATG TCAAAGCTTA CACTGAGCAT ATGACTATAT CTCCATATAA	180
ATTGTATTTG TTAGATAAAG GCGATGTTTT AAAGTTTAGA GAAACAAGTT ATACATCGCG	240
AGTGTATTTA GCTGTGGGAG GCGGATTTGA ATTAGATGCA TGGTTAGGAT CTAAGTCAAC	300
CGACTTTAAT GTAAAAATTG GTGGTTTTAA AGGTAGAACA TTACAAGATG GCGATGAAAT	360
AAAGCTTAAG AGAGATTATA CAGCTCGTCA TCATAAGTTA TTTGAAAACC TTGCTCACAC	420
GAAACAAACA GATTGGGGTA TTGATGGATA CGCCTTGTC TTTAATTATA TGTCTGATGT	480
ATTTTCATGTC GTTAAAAATA AAGGTACGGA AGATTTTAAA GAAGATGCCA TTCAAAGATT	540
TGTGAAACAT GATTATAAAG TAACGAGCAA AGCAAATCGC ATGGGGATGA TGCTTGAAGG	600
TGAAAAAATC AAAGCTTTTT ATGAAGATAT GCCACCGTAT CAGACTGTCA AAAAAGGAAC	660
GATACAAATT AAGCGTGATG GCACACCTAT TATCCTATTA AATGATCATT ATACGCTAGG	720
TAGCTACCCG CAAATCGGTA CAATCGCAAG TTATCATTTA ACGAAATTAG CACAAAAACC	780
GCAAGGATCA CGTTTGAAAT TTCAATTTAT AGATATTTTA ACGGCTGAAA AGAACCTTGT	840
TAAgTATAGT AACTGGTTAA AC	862

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 385:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1027 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 385:

AAATGAGTTG ATGATGGCTC CTATTCCATC TATCTCTAGG TATGACAGAA sATAAACGGT	60
CTTCTACCTG TCTsACATTA TCTTTCCAAC GATTAATACC TAAGCGTTTA GAAACACGTT	120



	CAGTTTACG TCCTACACCT GCTAACTTT CTAATTCCTT ATGTGTTTGT GGTATTTCTC	240
	CATTAAATTG ATCAATCAAA GATTGACAAA GTTTCTTAAT ATTCTTAGCT TTGTTACGAT	300
5	ACAGACCGAT AGAACGAATA TCATTCATAA GTTCTTCATC ACTGACTGCC AAATAATCTT	360
	CAGGCGTTTT GTATTTTTTA AACAGCTCAG TTGTTACTCT ATTTACTAGA ACGTCTGTAC	420
	ATTGCGCTGA CAATAATACA GCAATAGTTA ATTGGAACGG ATTATCATGT TTTAATTCAC	480
10	ATTCTGCATC CGGAAACATA TTTGCTATAA CATCAATCAT TTCTAATGCT TTTTCTTAC	540
	TTACCATCAA GGTTCTCCCC GTTTAACCAA TCAAATTTAG GTACCGTTTT AACTGTGTGC	600
15	GTCATTTTCG GTTTATTGAA TTTTCTCTT ATTTTCTAG AATCGTCAAT TGTTTTGACA	660
	TTGTTTTTCT TCCAATTAAG TAAAATACGA TCTATATATT TAAAGCTAAG TTTATTCAAA	720
	CTATTCGCCT CGTCTAATGC CGCTTGATA ATTGCAGTAT CGTGTTTATC AACATCAATC	780
20	CATTGATTTA ACGTTTCTAT TTCATATGGA GATAACGGCC TTGCAAATGT ATCCTCTAAA	840
	ACTCTAAATA ATTGTTTAAA TTTTCTTTA CTATTTAGCT CTTTCGTTTC CATACTTTGT	900
	TGCTTCAATA TATGACTTAA TTTTCGAAA AAAGGATCTA GATTCATATA TTCGGKAAAT	960
25	CTACCTTCyT CATCyTTTTG aACTkGtAAT tCTAGCAATT CACGTgTATC AAATTTTGGA	1020
	TACCATT	1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 386:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1006 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 386:

40	AAGGnTTGGA GGGAATTAAT nGATGGCAAA TCCAGaTAA AGTACACaAC GCATGGAATG	60
	TGATGCATTT AATATTTCCA GTAGTTAGTA CGACGTTTGC AAGCTTTAAA TCTATGTATG	120
	GGGGCATACC AAAAGATTTC ATAGACTACT TATTTATTGA TGAAGCAGGA CAAGCAATAC	180
45	CTCAAGCAGC TGTGGGAGCA TTATATCGTT CAAAAAAGT TGTAGCTGTA GGTGATCCGA	240
	TTCAAATAGA ACCGGTTGTG ACTTTAGAAA GTCATTTAAT TGATAACATT CGTAAAAATT	300
	ATCATGTTCC GGAATATCTA GTTTCTAAAG AAGCTTCTGT GCAGTCTGTT GCAGACAACG	360
50	CCAATCAATA TGGTTTTTGG AAATCTGATG CTA CTGATAG TAATCAAAAA ACCTGGATAG	420
	GCATACCTTT ATGGGTGCAC AGACGATGTT TAAAACCTAT GTTCACGATa GCTAaCCAAa	480

GGTATGACGT TAAAGGAAaC GCAGTTCAAA AACAAATTTGT GAAAGAGCAT GGTGAAAAaG 600  
 TAGTGGGATT ATTAGCTGAT GATTGGATTG AAGCAATTAA GGAAGGTAAA AATGAACCGA 660  
 5 GCTCATTGT AATATCGCCT TTTTCAGCAG TACAGCAACA GATTAAACGT ATGTTAAAGC 720  
 AACAACTACC GACTAGAATT GATATTGAAC GTACAAAAAT TAATCAATGG GTCGATAAAT 780  
 CCATTGGTAC TGTTCACTACT TTTCAAGGTA AAGAGGCTCA GAAGGTGTAT TTTGTAATAG 840  
 10 GTACTGATAA TACCCAAGAT GGTGCTGTGA ACTGGTCATG CGAAAAACCA AACTTGTTAA 900  
 ACGTTGCAGT GACAAGAGCT AAGAAAGAGT TTA TGTAATT GGCACATGC AAAGAATACA 960  
 15 GATGAaACCA TTTTATGAGA CGATTTTTan AGnaAGAAAT GTAAAA 1006

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 387:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 662 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 387:

CGTTTCATCA AGTATCGAT CCTAATTTAC AAAATATTCC GGTTAGACTT GAAGAAGGGC 60  
 GTAAAAATAAG AAAAGCCTTT AAACCAACTT CAAAAGATAG CGTTATATTA TCAGCAGATT 120  
 30 ATTCTCAAAT TGAATTGCGT GTATTAGCAC ACATTACACA AGATGAGAGT ATGAAAGAAG 180  
 CATTTATCAA CGGCGATGAT ATTCATACAG CAACTGCTAT GAAAGTATTT GGTGTAGAAG 240  
 35 CTGATCAAGT CGATAGTTTA ATGCGTCGTC AAGCAAAAGC AGTTAACTTT GGAATTGTTT 300  
 ATGGGATAAG TGATTATGGT TTAAGTCAAA GTTTAGGTAT TACTCGTAAA AAAGCAAAAG 360  
 CATTCATTGA TGATTATTTA GCTAGTTTCC CAGGTGTAAA ACAATATATG TCTGATATTG 420  
 40 TAAAAGATGC CAAAGCTTTA GGTTACGTGG AAACATTGCT ACATCGTCGA CGCTATATTC 480  
 CTGATATTAC GAGTCGTAAC TTTAATTTAC GCGGCTTTGC TGAACGTACT GCTATGAATA 540  
 CGCCAATACA GGGCAGTGCT GCAGATATCA TTAACTGGC AATGGTTAAA TTTGCTCAAA 600  
 45 AAATGAAAGA GACAACATAT CAAGCTAAAC TATTATTACA AGTACACGAT GAATTAATTT 660  
 TT 662

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 388:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 669 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 388:

5 TCATCCAAAT TTTGGAAATT CCACATTTTA CATATCGTAA TTTTITAGGA AACTAGTGAA 60  
 TATAACAAAT CCTCCTCTC ATTTTAAAA TAGATATATC ACTTCCCCAC TTTTACTTAA 120  
 CTAAACTGCA ACGGTTCTA ATACCAAAAT CCTGCCCTCT ATTTTATCA ATTCAAGCAT 180  
 10 ACTTATTGAA AAATGTTAAC GTTTCCTTGA TAATCATGT AAGCGCATTT ATTTTATAAA 240  
 CTAACGTTTG AAATATACTA CAGGAGTGAC ACGTAATGAC TCAAATTACT GAAAAAGAAT 300  
 TAAAAAGAA GTATTTAGAT TTACTATCCC AAAATTTTGA TACTCCAGAA AACTTGCAA 360  
 15 CTGAAATTAT CAATTTAGAA TCAATTTTAG AATTACCTAA AGGTACGGAA CATTTCGTCA 420  
 GCGATTTACA TGGTGAATAT GAAGCTTTCC AACACGTATT ACGCAACGGT TCTGGGAACG 480  
 TGCGAGCGAA AATCAATGAT ATTTTCAAAG AGAGACTTTC AACTAAGGAG CTTAATGACT 540  
 20 TAAGTGTCT TGTCTACTAT CCAGAAGrCm AATTtAAAAT TgATTAAAAG TGATTTCCAA 600  
 AATTgCGGtC mActTAATGt CyGGtATATC ACaACmATCG aACATTTAAT TGAGTTAATT 660  
 25 AAATATTGT 669

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 389:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 1249 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 389:

CACATGGCTG TTAGAGATAT GAATGGCCAT GCGTTACCTT TAACAAAAGA TGGCAATTTT 60  
 TATCAAACGA ATGTAGATGC AAATGGTGTT AATCATGGTG GTAGTGAAAT GGTGCAAAAT 120  
 40 AAAACAGGTC ATATGAGTCA ACAArGCCAT ATGAATCAGA ACACACATGA ACCAACAGCC 180  
 ACACATGCAA CAAGGTCATA TGCAATCATC AAACCATCAA ATGATGAGTC CAAAAGCAAA 240  
 45 TATGCATTCA TCAAATCATC AAATGAACCA AAGTAACAAA AAAGTTTAC CAGCTGCTGG 300  
 TGAAAGTATG ACATCAAGTA TTCTTACTGC AAGTATTGCC GCACTACTAT TAGTATCTGG 360  
 GTTATTCTTA GCATTTAGAC GACGTTCAAC AAATAAATAA ACATAATACG ATTAATAATA 420  
 50 GAAAAATCGT GTGATTATCT GaGGGAGCCT AGGACATAAA TCAATGTCCT AGGctCnCTA 480  
 AtGTTATATT GGCAGTAGTT GACTGAATGA AATTGCGCTT GTAACAAGCT TTTCCATTTT 540

CGATTGTCTT ATACGTGTCA GTGTTAATTC AGATATTTCC TGTGGAATAT ACCACTTATT 660  
 AATCATAATT GGATAAGGTG TTTGTGCGTA CAGTGTTCCTA ATAATCAGCC AACAAATGTGT 720  
 5 ATCACCAtCA AACACGTGAC TATGATTTTtK GAAGTGGGGC GCTTTGGTAA TAGACATTTT 780  
 TAAATCTGAT TGATATGCAT TGCTATAAAT CGTTTGCTCA ACGAATGTCT TCATGTCGTC 840  
 TTCGTTTTGT GTATTCACCTT TAAATGTGTC AATGACATTT AACGGTATAA AGGTAAAGCA 900  
 10 AAATGCATCA GCTTGCTTAG AATGATTGTC CTTTTTTTGA TAATAGCGTT CCATTGCAAT 960  
 GACGGCAGAA GGATGGTTTG CAAACAAATG ATTTGTATAT TCACTTTCTA AATCAACACG 1020  
 ATAATTAATT GATGACATAG ATACGCGAGC TAGCAATATT TGATCAAGTG GATGCTTAAA 1080  
 15 TTGATCCATA CTGAAGCGT GTTGGGCATT TGTTTGTGGA ATAACAAAGT GTCCCTTCCC 1140  
 TCTTGACTC TCTACGATGC CATCTTCGGC TAACAATTTt ATAGCTTGGC GCAAAGTCAT 1200  
 20 ACGACTGGAC ATCAAAGCGC GCACAAAGTT CTTTTTCAGT AGGTAATGC 1249

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 390:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1788 base pairs  
 25 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 390:

AATGATGATT CATTCAAAGA AATTAACGCT CGGTATATGC TTGGTATTAC TCATTATATT 60  
 GATTGTAGGT TATGTCATTA TGACAAAAC AAATGGTCTGA AACGCCCAA TTAAGACAC 120  
 35 ATTTAATCAA ACATTAAAT TATATCCAAC CAAAATCTC GATGATTTT ACGATAAAGA 180  
 AGGCTTTCTGA GATCAAGAAT TAAAAAGGG TGATAAAGGT ACTTGGATAG TTAATTCTGA 240  
 AATGGTAATC GAGCCAAAAG GTAAGGATAT GGAAACGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAA 300  
 40 TCGCAATACT AGAACCACAA AAGGGTATTA TTTTATAAGT GAAATGACAG ATGACAGTAA 360  
 CGGCAGACCA AAGGATGATG AAAAAAGGTA TCCGGtAAAA ATGGAACATA ATAAAAATCAT 420  
 45 ACCAACGAAG CCACTACCGA ATGACAAGTT AAAAAAGAG ATTGAAAAC TTAAGTTCTT 480  
 TGTACAATAT GGCAACTTTA AAGATATTAA TGATTATAAA GATGGTGATA TTTCATATAA 540  
 TCCTAATGTA CCAAGTTATT CGGCAAAATA TCAATTGAAT AATGATGATT ATAATGTCCA 600  
 50 ACAGTTaAGa AAAAGATATG ATATTCCAAC CAAACAAGCG CCGAAACTAT TATTGAAAGG 660  
 CGATGGAGAT TAAAAGGTT CATCCGTAGT TcTAGAAGTC TTGAATTTAC CTTTGTCTGAA 720

AGGTATGAGT CAAACTGAAT ATCAAATAAA ACCTGGTAAT ATAACAAGTA ACTCTGAAGA 840  
 AACAAGTTTCG ATATCTAAAG TGAGCTGTGA AATATAGGTA GCCATTTCAA AAAATTTAAA 900  
 5 GGTGAATTTG ATAATGTAGC TCAAGGAGAT TGGGTTAAAA AGGCGAAGAA TGAAGTGGAT 960  
 GATATTAGTA AGAAATTAAA AAATATTCAA AGAACGGAAG TTTAATAGCT TATATGATTG 1020  
 TTGGAGCTAA GACAGCATGC GTTCATTTCAT GCCATTATTA ATATAAGCAC CGCAACAAAA 1080  
 10 AAGCTTCTAA TGTGATACAG GAACCTCATA TTCCGTATCA TGTTAGAAGC TTTTAATGTC 1140  
 TAAAGAACAT CTACATTTTA TCATATTTTC TGACTTATTA AACTTTTATA TAATTAAATA 1200  
 TTTCTTAATT TTCCAAAATA GTGATAAATT TGTGAAATAC ATCACAAATC CCTTTATTTA 1260  
 15 TTTGGAAATT CATGTAATAT TAGACTTGTA AGAAGTTAAT AAATAGAGAG AGACGAGAGA 1320  
 GTTTATATAA ATACTATATA AACATTGGAG TGATGATTAT GAGAAAAGAG ATTGAAGCGC 1380  
 TTATTTTCTC AGACGTAATA GCTATGATAT TTACGTGAAC ACTGGTGTAA ATCAAGGATT 1440  
 20 AATTGGTGAC ATCAAAGATG GTTACCTAAC TATTGATTCT ATGCCTTACA TTGATGCTGA 1500  
 GCGTTTGTAT CACTTTGCTA TGGAACGTAA ATCGTTAGTC ACTAACTAGT TCTTATTGCC 1560  
 25 AATGATTACT ACCCCTAGTC GCGGGCAATT GAAGTGTGAT TGATGTAATC TGCCCTCGTT 1620  
 GGTGAGCAAT TGAGGGCAGA CCCCTTTAAT TAAGTAAACC CTAACCTCCC ACAAATCTGG 1680  
 AACGATACTA AAAGCCACGT CCTATATTGG ATGTGGCTTT AGTCAKACTT ATATTATTTT 1740  
 30 TAAAACGATT ACCTACAAGA TTTACATATA AAATTCTATC ATGnCTGC 1788

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 391:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2407 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 391:

GCAAGTTTAG TTAAACAGAT ATTAAAACCA GATCAATATA CAGATGCAAA TTCTCTATTA 60  
 45 GAGATTAGTT TGCAAACAGG TATGTTTATT GCAGGTGGAT TATCAGGAAT ATTATATAAA 120  
 ATAAATGGAT TCACTCTAAT TATAGCGATG ACTATAATGA TGTTTCTAAT CAGCATTTTT 180  
 ATGTTATTTA GATTGCATGT AGATAAACCA ACTCATTCAG AGGAAGAATC AACAAATAGC 240  
 50 TTATTGCAAG AATATTTTATT AGGATGGAAA TTTTAAAAG ACAACATGAT GATATTTATT 300  
 TTTGGAGTTA TTTCAATCAT ACCAATGGTG TTTACAATGA TCTTTAACAT ATCATTACCA 360

EP 0 786 519 A2

	TATGGCATTG GAGGATTATG TGCAGGTTTA ATTTTCAGCTA TTCTTTTCGAA GAAAATCTCA	480
	ACTAAAGTAT TGATATTTTT GTTATATTTT ATATTAGTCA TAAATTCAGC ACTATTTATT	540
5	TGGATAAACT CAGCATTTTA CTTATTCATA GGATCATTTA TACTAGGCTA CTCAATTTCA	600
	TCAATCAGAA TTTATATGAA TACAGCTATA ATGAACACTG TTTCAGATAA ATATGTCGGT	660
	CGCTCATTTA CGATATGGAC GTCAATTTCA TTGTTACTGC AAAGTTTAAT TGCTCCATnT	720
10	TTAGGAAGAT GGATTAAATGA AATTAATGAT AAATTCGGTT TCTATATTAT ACTCATTTTA	780
	TCCTTACTCA TATTTGTaCA CTGCTGCTTG TTAACAAAAC AGACAAAATA AAATATGCAC	840
	ATAAAGAAGA GTGACCGTCA CTCTTCTTTA ACAAGCGACC ATTTATCGaT GGGCTTAGTT	900
15	CTCTCTGCAC CCACACTTCA CTACTTCACT TTTTCAAATC ATTTTTTATG GTCTTAAATA	960
	AATCAGTGAG ATTTGTTGCT TCGGTAAAGT CTAGAATTAA TATCATTTCT TTAGAACCTG	1020
20	GATATGGCGA AACTAATGTA TTATCTTGCA ATTTCTGCTG GGCACTTTTA GTCGCCTTGA	1080
	CCAATAATCT ATTATCATAC AAACCACCTA TAACCACGCC ATCATAATAA ATAATATATT	1140
	CTCCCATCAT CTTTCTTGTC TTAACCGCGT TTGAATTCAC ATGATTTAAA AATAAATCAT	1200
25	GTACATCTTT CTTAGTCGCC ATTGTAATCG CTCCTTCAGT TTTATGTTTA ATCACATTCG	1260
	TATTAATGAT TCATTTTCGTG TTGCTCTTAA TTTTATCTAT AATTATATGC GTAGTTAAAA	1320
	TCAAACCTAT GGAAAAGAAA ATAATGATAA CAATGTTAAG AAATATAGTT ATAAAATTAT	1380
30	AGTTTGGAAG GSTATGCGAAT AGCAGAAAAA TAGGTATCGC AAAAAATAAA TCCCACCAAC	1440
	CTAAACTTTT TAAAGAATGC TTTAAACCTT CCATAATATC ACCTTTATAA ATTTGTCTTT	1500
	GTTATAAGAT AACTAAAAA TCGCTTTACT GTAAAAGTAG CCAAAGAAAA TTCTGAATCA	1560
35	TATTCATAAG TAGTGTATCA TTAATAATGA ACAATTTAAT ACTATAATCC TTGATCTTTG	1620
	TATTGATCAA CTTACCACAA CATTTATTTT AGACTACTCT TAGACTTCCC TTTCAAATGG	1680
40	TTGCATCTAT TGAAATTCCT TTTGTATAAG TTAGGCTTTT GTGGTAATAT CATCATGCAT	1740
	AAAAAATCGA GATACTAATT ATAAAGAGGG TATAAATATA TTATGAAAGA AAATTTTTGG	1800
	AGTGAATTAC CACGTCCATT TTTTATTTTG GCGCCAATGG AAGACGTTAC AGATATCGTC	1860
45	TTTCGACACG TTGTAAGTGA AGCAGCTAGA CCGGATGTGT TTTTCACTGA ATTTACAAAT	1920
	ACTGAAAGCT TTTGCCACCC TGAAGGCATA CATAGTGTGC GCGGACGCTT AACTTTTAGT	1980
	GAAGATGAAC AGCCGATGGT CGCTCATATA TGGGGAGATA AGCCAGAACA GTTCCGTGAA	2040
50	ACGAGTATTC AATTAGCTAA AATGGGCTTT AAAGGCATAG ACTTAAATAT GGGATGTCCT	2100
	GTAGCAAATG TTGCTAAAAA GGGTAAGGGT TCCGGCTTAA TCTTAAGACC TGACGTTGCT	2160

55

GGCTACTATG AAATCGATGA ATGGAAAGAT TGGTTGAAGC ACGTCTTCGA ACAAGACATT 2280  
 GCCAATTTAT CTATTCATCT TCGTACACGT AAAGAAATGA GTAAAGTAGA TGCACATTGG 2340  
 5 GAATTAATCG AAGCTATTAA AAATTTACGT GACGAAATTG CACCAAATAC ATTGTTAACA 2400  
 ATTAACG 2407

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 392:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 392:

ATGATGnATG GCnCCGCCAA GAAGTTGAAC CAGTCTATTG GCTAGAATTG CTCAAAAAGC 60  
 GAGAcATGTG GTATTCaTAT GTTaGTagCt ACGCAAAGAC CATCTGTCAA TGTAATTACA 120  
 GGTTTAATTA AAGCCAACAT ACCAACAAGA ATTGCATTTA TGGTATCATC aAGTGTAGAT 180  
 25 TCGAGAACGA TATTAGACAG TGCTGGAGCA GAACGCTTGT TAGGATATGG CGATATGTTA 240  
 TATCTTGGTA GCGGTATGAA TAAACCGATT AGAGTTCAAG GTACATTTGT TTCTGATGAC 300  
 GAAATTGATG ATGTTGTTGA TTTTATCAAA CAACAAAGAG AACC GGACTA TCTATTTGAA 360  
 30 GAAAAAGAAT TGTGAAAAA AACACAAACA CAATCACAAG ATGaATTATT TGATGaTGT 420  
 TGTGCATTTA TGGTTAATGA AGGACATATT TCAACATCAT TAATCCAAAG ACATTTCCAA 480  
 ATTGGCTATA ATAGAGCAGC AAGAATTATC GATCAATTAG AGCAACTCGG TTATGTTTCG 540  
 35 AGTGCTAATG GTTCAAAACC AAGGGATGTT TATGTTACGG AAGCAGATT AAATAAAGAA 600  
 TAATTATGAG TAAGGAGTTT TATATAATGA CACACTATCA TTTGTCCGA ATTAAAGGTT 660  
 CTGGCATGAG TTCATTAGCA CAAATCATGC ATGATTTAGG ACATGAAGTT CAAGGATCGG 720  
 40 ATATTGAGAA CTACGTATTT ACAGAAGTTG CTCTTAGAAA TAAGGGGATA AAAATATTAC 780  
 CATTTGATGC TAATAACATA AAAGAAGATA TGGTAGTtAT ACAAGGTAAT GCATTCGCGA 840  
 GTAGCCaTGA AGAAaTAGTA CGTGCCATC AATTGaAATT AGATGTTGTA AGTTATAATG 900  
 45 ATTTTTTAGG ACAGATTATT GATCAATATA CTTCAGTAGC TGTAAGTGGT GCACATGGTA 960  
 AAACCTTCTAC AACAGGTTTA TTATCACATG TTATGAATGG TGATAAAAAG ACTTCATTTT 1020  
 50 TAATTGGTGA TGGCACAGGT ATGGGATTGC CTGAAAGTGA TTATTTCCGT TTTGAGGCAT 1080  
 GTGAATATAG ACGTCACTTT TTAAGTTATA AACCTGATTA CGCAATTATG ACAAATATTG 1140

	TGGCACATAA TGTAAAAAA GGTATTATTG CTGGGGTGA TGATGAACAT CTACGTAAAA	1260
	TTGAAGCAGA TGTTCCAATT TATTATTATG GATTAAAGA TTCGGATGAC ATTTATGCTC	1320
5	AAAATATTCA AATTACGGAT AAAGGTACTG CTTTGATGT GTATGTGGAT GGTGAGTTTT	1380
	ATGATCACTT CCTGTCTCCA CAATATGGTG ACCATACAGT TTAAATGCA TTAGCTGTAA	1440
	TTGCGATTAG TTATTTAGAG AAGCTAGATG TTACAAATAT TAAAGAAGCA TTAGAAACGT	1500
10	TTGGTGGTGT TAAACGTCGT TTCAATGAAA CTACAATTGC AAATCAAGTT ATTGTAGATG	1560
	ATTATGCACA CCATCCAAGA GAAATTAGTG CTACAATTGA AACAGCACGA AAGAAATATC	1620
	CACATAAAGA AGTTGTTGCA GTATTTCAAC CACACACTTT CTCTAGAACA CAGGCATTTT	1680
15	TAAATGAATT TGCAGAAAGT TTAAGTAAAG CAGATCGTGT ATTCTTATGT GAAATTTTTG	1740
	GATCAATTAG AGAAAATACT GGCGCATTAA CGATACAAGA TTTAATTGAT AAAATTGAAG	1800
20	GTGCATCGTT AATTAATGAA GATTCTATTA ATGTATTAGA ACAATTTGAT AATGCTGTTA	1860
	TTTTATTTAT GGGTGCAGGT GATATTCAAA AATTACAAAA TGCATATTTA GATAAATTAG	1920
	GCATGAAAAA TGCGTTTTAA TATGTTTATA ATAGAGTAGT ATGGGTATTT ATTATTAATG	1980
25	ACATTATTAC ATGTTAATTA GGAGGCGTTT TTAATGGATT GGATTTTACC AATTGCTGGA	2040
	ATTATCGCTG CGATTGCATT CTTAATTTTA TGTATCGGTA TCGTAGCTGT ATTAAATTCT	2100
	GTTAAGAAAA ACTTAGATTA TGTGCAAAA ACACCTGACG GTGTAGAAGG TCAAGTTCAA	2160
30	GGTATTACTC GTGAAACAAC AGATTTACTT CATAAGTAA ACCGTTTAAC TGAGGATATC	2220
	CAAGGTAAAG TAGATCGTTT AAACCTCAGT GTAGATGCTG TTAAAGGTAT CGGTGACTCA	2280
	GTACAAACGT TAAACAGCTC TGTAGATCGT GTAACAAATT CAATTACACA TAATATTTCT	2340
35	CAAAATGAAG ATAAATCTC ACAAGTTGTT CAATGGTCAA ATGTTGCAAT GGAAATTGCA	2400
	GACAAATGGC AAAATAGACA CTAC	2424

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 393:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 738 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 393:

50	CnATAATATT CnTCAAnCCT TTAAATAGAG GAATAGACTG CCGACAGAGT CCGAGACTTT	60
	GTGGGTAGTT TTTTATGTTT TGATAACGGA AGTTAGAGGC TCTCTGTCAA ATTGGGCAGA	120



AGTGTAAGT TTTCAACATA ATACTATTAG TTCGGTCATG TATCGGACTG ATGGAAAAGC 240  
 GTTTCACTTT TAATGACTCA TTAAGAACGG CCTGAAAATG TTTGGCGTAT TAAGTGCAAT 300  
 5 GATAGTTTGT ACATTTAGTT TCTAATTGGT CATTACTGCC GAGCAAATCT AGTAGAGTAA 360  
 TCATGTAAAT CTTTAATGTG CCATTTGATT CACTAGCGGT GTTAATAACT ACGGAAATTG 420  
 CATTCCCGAC TGAAATTTTT GAAAAATATC AACGTACGCT ACAAATAAAA TTTTAACTG 480  
 10 TTATAAATGT GTCTCAATTT CATATGTTCA TCGACGATAT GAAGCGTATT ATGGTAAAT 540  
 GAAGAAATAA TAAACTTGTT AATAAATAAA ACATCACGAT TTGACTAAAG CACTTTATTA 600  
 15 TTGTGTAGAT AATAGTTTTT TAACGAAATA AAAATGGCGA CTGGTTTTAA TAAATCAGCT 660  
 AATGAATCAC TACACCTATA AGTATGAATA TAGTGATTAG AATGCTTTGT ATAGTTGGAT 720  
 TTTGCAAAAT TGATGTTA 738

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 394:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1270 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 394:

30 AAAAGTTGTA ATTAAAAGTG GGATTTTACT TAAGnnAGAA GGAACTATT TATATGACTA 60  
 ATAAAAGAGn AGATGTCCGC AATATAGCAA TTATTGCTCA CGTTGACCAT GGTAACAA 120  
 CTTAGTAGA TGAGTTGTTA AAACAATCTG GTATATTCAG AGAAAATGAA CATGTCGATG 180  
 35 AACGTGCAAT GGACTCTAAC GATATCGAAA GAGAGCGTGG AATTACGATT CTAGCCAAAA 240  
 ATACGGCTGT TGATTATAAA GGTACACGTA TTAATATTTT GGATACACCA GGACATGCAG 300  
 40 ACTTTGGTGG AGAAGTAGAA CGTATTATGA AAATGGTTGA TGGGGTTGTC TTAGTAGTAG 360  
 ATGCGTATGA AGGTACAATG CCTCAAACAC GTTTTGTACT TAAAAAGCG CTAGAACAAA 420  
 ACCTGAAACC TGTGTGTGTT GTTAATAAAA TTGATAAACC ATCAGCACGT CCAGAGGGTG 480  
 45 TTGTAGATGA AGTTTtagAT TTATTTATTG AATTAGAAGC AAACGnTGAA CAATTAGAAT 540  
 TCCCTGTTGT TTATGCTTCA GCAGTAAATG GTACAGCTAG CTTAGATCCT GAAAAGCAAG 600  
 ATGATAATTT ACAATCATTa TATGAAACAA TTATTGATTc ATGTACCAGC TCCAATTGAT 660  
 50 AACAGTGATG AGCCCATTAAC AATTTCCAAG TAGCATTGTT GGACTACAAT GATTATGTTG 720  
 GACGTATTGG TATTGGTCGT GTATTCAGAG GTAAAATGCG TGTCGGAGAT AATGTATCAC 780

GATTAAAACG TTTAGAAATT GAAGAAGCAC AAGCTGGAGA TTTAATTGCT GTTTCAGGTA 900  
 TGGAAGACAT TAATGTTGGT GAAaCTGTAA CACCACATGA CCATCAAGAA GCATTGCCAG 960  
 5 TTCTACGTAT TGATGAGCCT ACTCTTGAAA TGACATTTAA AGTTAACAAT TCTCCATTTG 1020  
 CTGGCCGTGA AGGTGACTTT GTAACAGCAC GTCAAATTCA AGAACGTTTA AATCAACAAT 1080  
 TAGAAACAGA TGTATCTTTG AAAGTTTCTA ACACAGATTC TCCAGATACA TGGGTAGTTG 1140  
 10 CTGGTCGCGG TGAATTGCAT TTATCAATCC TTATTGAAAA TATGCGTCGT GAAGGTTATG 1200  
 AATTACAAGT TTCAAAACCA CAAGTAATTA TTAAAGAAAT AGATGGTGTA ATGTGTGAAC 1260  
 15 CATTTGAACG 1270

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 395:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1365 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 395:

AAGACCAGGA GAACaMGTA AACAATATAC AGTTGaAATC GCTCGTAAAT TAATGGAATT 60  
 TGATATAAAA TGCTCGTGAT TGCTTGTAAT TACGCAACTG CTGTnGCTTT AGAATATTTA 120  
 30 CAAAAGACCT TATCAATCCC CAGTGATTGG CGTAATTGAC CAGGTGCTAG AaCAGCAATA 180  
 ATGACTACTA GAAATCAAAA TGTATTAGTA CTAGGAACGG AAGGCACAAT TAAATCTGAA 240  
 GCATATCGTA CGCATATTAA ACGTATCAAT CCACATGTAG AGGTACATGg CGTTGCCTGT 300  
 35 CCAGGTTTTG TGCCACTTGT AGAACAAATG AGATATAGTG ATCCAACAAT TACAAGCATT 360  
 GTCATTCATC AAACACTGAA ACGTTGGCGT AATAGTGAGT CTGATACTGT CATTTTAGGA 420  
 TGTACCCACT ATCCATTGCT CTATAAACCT ATCTATGATT ATTTTGGTGG TAAAAAGACA 480  
 40 GTGATTTTCGT CTGGATTAGA AACGGCTCGT GAAGTTAGTG CATTGCTAAC ATTTAGTAAT 540  
 GAACATGCAA GTTATACTGA ACATCCAGAT CATCGATTTT TTGCAACAGG TGATCCTACT 600  
 CACATTACTA ACATTATCAA AGAGTGTTA AATTTATCTG TCAATGTGGA ACGTATATCA 660  
 45 GTGAATGACT AGGAGGATTT TTAATGAAAG AGATTGTTAT TGCATCGAAT AATCAAGGGA 720  
 AAATAAATGA CTTTAAAGTA ATATTTCCAG ATTACCACGT AATAGGTATT TCAGAACTAA 780  
 50 TACCAGATTT TGATGTGGAA GAAACAGGAT CAACATTTGA AGAAAATGCT ATATTAAAAT 840  
 CAGAAGCTGC TGCAAAAGCA TTGAATAAAA CGGTCATAGC TGATGACAGT GGACTAGAAG 900

EP 0 786 519 A2

	GCGATGAAGC AAATATTGAA AAATTATTAA ATAAGCTTGG TAATACAACT GATCGTCGTG	1020
	CGCAATTtGT TTGTGTCATA AGTATGAGTG GCCCTGATAT GGAAACAAAA GTATTTTAAAG	1080
5	GTACTGTTTC AGGTGAAATT GCAGATGGAA AATATGGCGA AAATGGTTTC GGATATGATC	1140
	CGATATTTTA TGTACCGAAA TTAGATAAAA CCATGGCTCA ACTTTCAAAA GAACAAAAAG	1200
	GGCAAATTAG TCATAGACGA AATGCGATTA ATTTACTTCA AGCTTTTCTT GAAGGTGATA	1260
10	AAAATGTCTA AATGGATTAT TGTGAGTGAT AACCATACTG AATCAGGCGT TTTATATCAA	1320
	ATTTATGAAA TGCACCCAGA TGCAGATGTA TATTTACATT TAGGA	1365

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 396:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1383 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 396:

25	AATTCCTGGT GCAATAATAA ATAGGATGAA AAAGATTCGG AAAATATGAT AACTCGTAAT	60
	CATAGCAACA TCGGCACCAG TAGCTAATGC AACTAAAAC ATCTGATTAA CCCCTCCTGG	120
	TGCTGCACCA AGaAACAATT CATTAAATAGG ATTATTATCA AAGAAATGTA TGATATAAAC	180
30	CATGATTAGC GCACCAATTA TCAACATAAT ATTTTGAATT GTAATTGCGA TTGCTAGTCT	240
	ACCTTTTAAA TCTGACAATA AATGCGCAAT TTGAACTCCA ATTCTAATCA TATATATTAG	300
	TTGTGCCATG TTCAACAACC AATGATCTAG TGTAATGTT AAACCTGTAG AAAAATCCA	360
35	AACAATTAAT ACAATGAGTG GTGCTAATAA TTGAAATGTT GGAAACTTTA TTTTAGACAT	420
	AATTAGATAA ACTATAAAGA TAGCTATCGC TAAATAACT ATTTGCCCTA TGTTTAATAC	480
	TTGTGATAAA GGCAAGACTT TTGTAACTT TCCATTGCGA TGCATGTTAC CATCATGAAA	540
40	AAAATATGAA ATGAACGGTA CTAAAACAAC AACAAATATA ATTCGTGATG TTTGCGTTAA	600
	GCTAACAACT AACAAATTAG CACGTTTGTC TTGTTCAGCC ATGACCAGCA TTTGTGTTAG	660
	TGCTCCTGGT ATAACACTTA AAATAGCTGT TTCTGTATTA ATACGTGCAA TTTTTTTAAA	720
45	AACAAATGCC ATTACTATTG CAATTAATAA TATCGAAATA GATACAACAA TAATCGAAAG	780
	CCAATTGTTT TTAATATCCA TAACGACATT TTTGTAAC GTTGATCCGA TTTGCACACC	840
50	TAATAGTACA ATACCTAATT CACTAAGTAA GAATGGCCAT TTAATATCAA GTTTGAAAAC	900
	TTTTACACAA ATGATTGATG CGATAATAGG ACCAAACATA AATGGAAGTA ATACGTGCGA	960

TATCATTGCC ATGTTTTCCA CTTCTTTCAA TAAAAAATAA AATGACTAAA TTGCTGCTTG 1080  
 AGCTTCACGT TTGTTAAGAT AACAAATATCC GCTAGCAGTT tTGACTACAA AGCATATATG 1140  
 5 GaCTTTCACT ATCAAGTCGC CGCCCATGCC TTATATACAT TTAAAAnGAG CCTGAACAAA 1200  
 GTTCAGGCTC TCAATTTGTC CGTATATTTA TTTTACAATA CGACTTAAAG CCGTATCAAA 1260  
 TGCTTGAATC GTTTTTCAAT ATCTTCTTTC GTGTGTGCCG TAGATAAGAA TGTACCTTCA 1320  
 10 AATTGAGATG GnGGnAAAAA CACACCTCTT TgNCATTCTC GGTACATTTC TGCAATAATT 1380  
 TCC 1383

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 397:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 415 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 397:

25 TCCACTAAna TGATTACAAT TGCATTAGTT TGGTGGAGTG CATTTACAAT CTTAACGGGT 60  
 ATGATTAAGA ACCACGGTTT AATTaTTTAG TGAGATTCTT ATTTGGTGTA GGTGAGGCGC 120  
 CAATGTACCC TTCTAATGCT GTGTTTAATT CATTTTGGTT CTCTAAAAAT GAAAAAGGTA 180  
 30 GAGCATCAAG TGCATTATTA GCAGGATCAT ATTTCGGACC TGTATTAGCA CCAATAGTTA 240  
 CAATTGCTAT TGTTAACGCA TTAACTGGC AAGCAGTATT TTACATTTTT GGTGCAGTAG 300  
 GTATTTTAAT GGckGTATtA TGGGCGATTA TTGCCAAAGA CTTACCTGaG CrACATAGwa 360  
 35 TGGTTAATGA AGCGGAGAAA CGTTTCATTA TGGAAAATCG TGATATCGTA GCTAC 415

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 398:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 398:

TTTTAGaTaA aTyCAATTnT CyATaCTaAA TgATnTCTT ATTaCGTCAA TTcGCCTTTT 60  
 50 aTTTtATCGT AATCTTTTCCa CTGCAAAGCT AAAGCTTCTC CTATTCTAAG ACCAGAATAA 120  
 AATAACAGTC TAGTTAGCTG ACGAGAAGTA TCATTGTGA TTTGTTCTAC TTTTTCATCA 180

AATGTGGGGT CGTATAAGAG CTTGTAATGC TTTTGGCGT AATTGATAAC TGCTTTAAAA 300  
 CCTGCCCACA CAGATCGTGC ATAGTCAACA GAAAGACCTG CATCGTTTAA CAAATAATTC 360  
 5 CTGAAAGCAG TACATTGCGT AGTAGTGATT TTGCCAATAG GGATATTTCC GAACCTTTCT 420  
 TTTATGTGAG TATTATATTC TGTAGTTCGC TTTTCTATTG AGCGTGCAGA AAGATTTTCA 480  
 TTTTTTAAAC GATCAAAAAA TATATATTCA AAGGGTTGAT TGTCCGAGTA TCCATATTTA 540  
 10 ACATTTTGTA TAAATTCGCT TTCAGCTAGT TTGGCATCTT TCTTACGTTT AAACCCACGC 600  
 TTCATTTTTC GTTTGTTATT ACCGTATACA TCTTTATATC TAATGGAAAA ATACCATTTA 660  
 CCTGTATTAT CATCCTTATA TACTGGCATT TTGCTTCTCC CTCCTCAAAA TTGGCAAAAA 720  
 15 ATAATAAGGG TAGGCGGGCT ACCCGAAATT TAGTACTAGG TACTAAATGT GATATAATAA 780  
 AATAAAAAGT AGGTGATGTT ATGACATTTA AAAACAATCA TAATTTCAAT GAATTAGTTT 840  
 20 TAACGAATGA AGACATTAGA ATTTTAAAAA ATGTCTTAGA AGATGCAGTC AGTGTTTATG 900  
 ATGAATATTC GGTATGTAAT GAAGAATCCG ATTTTGCTTA CTGTTTATTA AGAGACTTAT 960  
 ATACATTAGA CAGCTTAGCT ATTCGTCAA ATAATGTTTG AATTATCGAA TTGTACTCTT 1020  
 25 CGATTTTAAT ACCATGCATA ATAGAGTTTC TGTGTTCAAT AGCAGCTTTG ACTGAATGTC 1080  
 TTAATGTTC TTCTATTAA TCGTGTGTTT CCATTCGTC TAAAAATGTT CytATATTCC 1140  
 T 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 399:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 706 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 399:

40 ACTGTGGTAG GTTTTTTATT TTGAAGTATT AATCATAACA GACTAATAAT CATGAGGTAA 60  
 CTAATAACAC ATATTTAAC TGTATTCTTA AACTGGTATA ATAAATTAT GTTGAAATGA 120  
 ATATTGTATG ACAGGGTATT CACTTTTATT AAAAGGTAAA ATTAAATAAA GGTTTTATAG 180  
 45 AACGTATTTA AATATATGAG GAGTAAACAA ATGGCTGATA GAACGAATAA AGAAATTAAA 240  
 ACAGGACGCT TTATTGCAAC TGCATCAATC GTATTCTCAA TATTATTGAT TATTCATTAC 300  
 TTTGTTTCGT TGGATAATGC GACTGCCAAA GCATTACTTA ATTTAACGAA TCAAAACACT 360  
 50 TCAGATAAAG CGATTGATTA CATTTTAAAC AGCTTTAGAT TCACTGGTAT TATGTATATT 420

55

ATGTTTGCAG TTTATGTATC AAATAGTTTG TTTACGTTGA TTAATTTATC AATCACAATT 540  
 CAAGCAATAA AAGCTGCACA CGGTGCGTAC TTAACATTGC CAATTTTAAT TGTTATTATA 600  
 5 GGTTCGGTTG CATTAGCGAT TTATATGCTT GTTGTCTCTA TCAAACGTAA AAGTACATT 660  
 AATCGCTAGA AAATTGATTT TAACAATAAA AATATGAAAA AAAAnn 706

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 400:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1187 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 400:

ACACAACTCG AAGATTACAG TTGTGGTGCT GGACATGATC GAAAAATTAG AGCTGAACAA 60  
 ATGAAAGAAA TCAGTGATTT TGTAAAAAG AAAATATCC CTAAAGATGA AACGGTATAT 120  
 ATAGGTGGCG ACCTTAATGT CAATAAAGGC ACTCCAGAGT TCAAAGATAT GCTTAATAAC 180  
 25 TTGAATGTAA ATGATGTTCT ATATGCAGGT CATAATAGCA CATGGGACCC TCAATCAAAT 240  
 TCAATTGCGA AATATAATTA CCCTAATGGT AAACCAGAAC ATTTAGACTA TATATTTACA 300  
 GATAAAGATC ATAAACAACC AAAACAATTA GTCAATGAAG TTGTGACTGA AAAACCTAAG 360  
 30 CCATGGGATG TATATGCGTT CCCATATTAY aCGTTTACAA TGATTTTCA GATCATTACC 420  
 CAATCAAAGC CTATAGTAAA TAGTGCTCAA CTAATAATA ACTTGCTCG TTCTAAAAGG 480  
 ACGAAGCGAG TTATATTGTT AAAATTGAA TTGACTTACA TTTAATAAAA ATCATCTTAA 540  
 35 CAACTTTAAT TTTTCATTAA TACAaGTCTT TACTCTACAC TCAAACnAGA TTCATACACT 600  
 GCACGTCATA ATAAATCTAT CTATTCAAAT ATAAATAAAA GTTACCTACT ACATTCTATG 660  
 40 TAGCAGGCAA CTTTTATTAC TTATTCTTT TCATTATCAT TAAGTACTTT TACAAACTTC 720  
 ACATTATGTG TCTTCCAATC AACTTCATAT AATGCTGATA ATTTTCTTC TTTTTATCT 780  
 ACATGGTTTT CACCAGACCA ATAGCCCCAG AAACCATGGC GATTCCAATC TATTTTAAAC 840  
 45 TCATCCATTG ATCTTTTATA ATGAACAACA AATTGTGATT TACCTTTGTC TTTTTATCA 900  
 TGTGACATAA CAGCTAAAAA TTCTGGATTA AACCTTCAG ACACAGTTAC AGGCATTTTG 960  
 TCTTTAGGTG TGAAATTATC TTTGCCCCAT AAATTTCCAT TTCGTGTTAA AGAAAAAATT 1020  
 50 TCACTTTATG TTCTATTATC ACTATCATTA GTTAATTGTC TCGTATGGTC ATGTCCATA 1080  
 TTATTTATCA AATGTGCTTC TACTTTCCAA CCTACACCTT TATGTGACGT AGATTGATCA 1140

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 401:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 847 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 401:

```

CCAGAATTAT TTTTCAAAA AGGACAATTT AACAAATGTCG ATAACGTTAT CATAAGCAAA      60
CCGATGAAAG GGACAATGCC TAGAGGTAAA ACGGAaGCTG AAGATCAACA GTATTATAAA      120
ACATTGCAAA CTTCTTCGAA AGATCGTGCA GAAATGTCA TGATTGTTGA TTTACTAAGA      180
AACGATATAG GGAGAATATC ACAGAGTGGC TCAATTAAGG TGTATAAACT ATTTTTTATT      240
GAGGCATATA AAAGTGTATT TCAAATGACT TCGATGGTAA GTGGAAC TTT AAAAAATAAT      300
ACAGACTTAA CTCAAATTTT AACATCGTTA TTTCCTTG TGTTGATTAC AGGTGCACCG      360
AAACTGAATA CAATGAAATA TATTAAACAA TTAGAAAGTT CACCTCGTGG TATATACTGC      420
GGACAATTGG ACTATTACTT CCAACTGAAG ATGATAAAAT GATTTTTTAAT ATTCCGATTC      480
GCACTATTGA GTATAAATAT GGACAAGCGA TTTATGGAGT CGGAGCAGGT ATTACAATTG      540
ATTCTAAGCC AAAAGATGAA GTGAATGAAT TTTACGCAAA AACCAAGATT TTGGAGATGT      600
TATAATGCAA TTATTTGAAA CAATGAAAAT TGATAATGGA CATATCCCTA GACTTACTTA      660
TCATACTAAT CGCATAAAAT GTTCTTCTGA GCGATTAAAC TTTAAATTTG ATGAACATGC      720
ATGGCGAAAT GAATTAAACG ATGTAACAAC AAAGTATCAC AGTGGTCAAT ATAGACTTAA      780
AATCGTATTA AATGCTGAAA GCAAATTTGA AACGATAGTG TCACCTTTAC CTGAGAAAAG      840
TAGTTTTT                                     847

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 402:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 740 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 402:

```

TGAAGATGAA GCAGAAGCAG AAGACAATCT GCTACGAGTA CAATCGAAGA AAGAAGAAGT      60
GTATCGTCGA TTAATTGCTT CTAAGTTAAC AAGCGTTCCT GAAAGTTTAT CATCATGAAA      120

```

GTTAAACAGT TAAAAGATAA AGTGTCTAAA ATTGTGATTC AAATGAATAC ATTTGAAGAT 240  
 GAAGCAAATG ATGTTCTTGT TAATGCTGTT TATGCAGAGA AATTAATTCA ATATGGAAAT 300  
 5 AGATATCGTA AGGACTATAG CAATGTTGAT AAGAGCTTAA ATGAAGCTGA ACGATTATTT 360  
 AAAAATAATC GCTATAAGCg TCGATTGAA ATTGCAGAGC AAGCTCTTGA AAGTGTTGAG 420  
 CCAGGTGTTA CTAAACATAT TGAAGAAGAA GTTATTAAGC AATAGAAACT AGTATGTAGT 480  
 10 TATACTTAAA TAATATGAGC ACTCTGTCAA ATTGGACTGA TGAGTTTAAAT AATTGAAGTT 540  
 AGCCAACGAT ACGTTGTCTA GCTTCTTTTT TATATGGATA AATGaaAGGG ACAATAAATA 600  
 TAAATAGCAA TTGTTTAAAG ATAAACGTAA TCAAATGTGT TGTTTTAATT AATATAAGTA 660  
 15 GTGAAAAAAG CATAATCACA CAGCTGTTTA AATAGAGTGA AATAGTCTAA TTCTTATTTA 720  
 ATAAGTAGAA ATAAGATTAT 740

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 403:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 630 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 403:

30 ATGCCAATAA TTAAACCATG TAATAAATAT ACGTATAGCG TACGACTACC AATATAAGTA 60  
 TATAATTTTT TCTTTGTGA CATTAAATTT AGAAACGCAG TCATTGCGAT TAATATAATT 120  
 35 CCATATAATA TAAGTCGTTT AAAAGGACTG AATATACTCT GTCCTTCATT TTCAAGTGAA 180  
 GTATATGGTG AACTTCCCAA TAACCAATCT GCATTGATAG GATGAATCAC GTAAACGATA 240  
 AAAACAAAA TAAAGGTAAT GATAGATACT GGTATTAGTT TTTTATTTTT AAAAATAGCC 300  
 40 GTATGTTTTT TGGTGAAAT GTAACCTAGA TAAATATTG GGAAAAATAC GATTGTCCTT 360  
 GAAATGCTTA AGTAGCTATC GATGTTATCT GAAAAACCTG CTCCAATAGA TATAATAATT 420  
 GAACTGATA GCACTTTATA TGGATTAAAT CTTCTAACTA TTAATAAAAT GACATGAAAG 480  
 45 AAAAATAGCG TGATCAAAAA CCATAACGCA AATACTGGGT TAAAGGATC AAGTTGTAAT 540  
 TCGTCACTTT TACCTGTTAA GAAATAATAA ATTGAAAAGA ATGCAAAAAA TATCATATAA 600  
 GGTACTATCA AACGTTTTGA AATTTTTTCT 630

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 404:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 6254 base pairs



(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 404:

5	ATTTAAACGT TCAGTTTCTA AAAGTGGAAC AATCCAAGAA GTACGTAAAC GTGAATTTTA	60
10	CGAAAAACCA AGCGTAAAC GTAAAAAGAA ATCAGAAGCT GCACGTAAAC GTAAATTCAA	120
	ATAATTAATA CCTCTGTTGA CTCCCTCAAC ACGAATATTA ATTATATAAA ACAAACATCA	180
	CAAGTTAGTG TCTGACACTA ATATGTGATG TTTTTTTGTT GTCAATTTTT AATTAAAAAA	240
15	AGTTATATAG TTTATAAATA ATCAAATTGA TATTCTATAG GTTCTTATAA CTATAAAGTA	300
	TATTCAATTT CATGTATAAT TAATGTGAGG GCGAGGTGAA ATTGTGAGTT ATAATAATTT	360
	TTTACAAATG ACAACTATCT TGAATCAAC GGCTGGAGAT ACTTGGGTTG AACAAGTTAG	420
20	CAATATAATT GTTCAACCTA TTTTACGTT AATATTAACC TGTTTGACAT TCTTAGGATT	480
	TGTATATCAA CTTTACTCTA AAAAAATCAA TGCAGCTGGT ATTATCGCCA CATTATCATT	540
25	ACTTATTTTA TTTTGGGAT TTCTAATCCA AGGAAATGTC AATATGCATT CTATCTTAAT	600
	ATTCTCAATT GCGGTTATAT TAGTTGTAAT TGAATTATTT GTAGTTGGTG CAGTAATTGG	660
	TATTATTGGC ATGATACTGA TAACTATAAG CATAACAACG CTCGGTGATA ATTTGCTATT	720
30	TATGCTTGCG AATGTTATCG TTGCCTTGAT TTTAACGATT GTAGAATGGG TGATATTAGT	780
	GAAGATTTTC AACAGAAAGA TTCCGTTTTT GGATAAAGTT ATCTTAAAAG ATTCAACTAA	840
	TTCTGAGTCA GGTTACAATT CTCATGATAA CCGCTCGCAC CTCGTAGGAA AGACTGCTCA	900
35	AACAGTTACA GATCTTCGAC CTGCAGGGAT TATTTTTTGT GAAAATGAAC GTATTGATGC	960
	TGTTTCAGAT GGCAACTTTA TTTTGCGCAA TAAAACGGTA AAAATCCTTG AAGTTGAAGG	1020
	AACAAGAGTA GTTGTGAGGG AAGTAGATTA ATTAAGGA GCGATACCAT GTTTAGTTTA	1080
40	AGTTTTATCG TAATAGCAGT TATTATAGTA GTTGCATTAC TTATTTTATT CTCATTTGTA	1140
	CCCATTTGGT TATGGATTTT AGCGTTAGCA GCTGGCGTTC ATGTTGGTAT AGGTACATTG	1200
45	GTTGGTATGC GTTTACGTCG TGTATCTCCA AGAAAAGTTA TAGCGCCATT AATTAAAGCG	1260
	CACAAAGCAG GACTAGCATT AACAACAAAC CAATTAGAAT CGCATTATCT AGCAGGAGGA	1320
	AATGTTGACA GAGTTGTTGA CGCTAATATT GCTGCACAAC GTGCTGACAT TGATCTTCCT	1380
50	TTCGAACGTG CTGCTGCAAT TGaCCTTGCA GGACGTGACG TATTAGAAGC GGTTCAAATG	1440
	TCTGTTAATC CTAAAGTCAT TGAAACACCA TTTATCGCAG GTGTAGCAAT GaACGGTATT	1500
55	GAAGTGAAAG CCAAAGCTCG TATCACAGTT AGAGCTAATA TTGCTCGACT TGTGGTGGT	1560

	AGTAAGCATC ATACAGAAGT ACTTGAAAAC CCAGATAATA TTTCTAAAAC AGTTTAAAGC	1680
	AAAGGTTTAG ATTCAGGTAC TGCATTTGAA ATTTTATCAA TTGATATTGC TGACGTTGAT	1740
5	ATTAGTAAAA ATATTGGTGC AGACTTACaA ACTGAACAAG CATTAGCAGA CAAAAATATT	1800
	GCACAAGCAA AAGCTGAAGA ACGTAGAGCT ATGGCTGTAG CAACTGAGCA AGAAATGAAA	1860
10	GCGCGTGAC AAGAAATGCA TGCTAAAGTA GTTGAAGCCG AATCTGAAGT ACCATTAGCT	1920
	ATGGCTGAAG CATTACGTTT AGGTAATATC AGTGTTAAAG ATTATTATAA TTGAAAAAT	1980
	ATCGAAGCTG ATACAGGCAT GAGAAATGCA ATTAATAAAC GAACTGATCA AAGTGATGAT	2040
15	GAGTCACCTG AACATTAAGT CGAGAGGTGA TTAAATGAGT GTCGGTATTC TAATTTTTGT	2100
	CATATCAGTG ATCATTCTTA TCATTACTAC TATGCGCGAA AATAGTCATA AAGATAGACA	2160
	AAATCAAAAG CCACCTCAA AAACATCTAC CGATAATGAA CCAAAAAAAG GTGGCTTTTT	2220
20	TGAAGAAATT GAGCGAACGT TTAAAGAAAT AAGTGAAGAA TTAAATGAAG AAGAAAAGAA	2280
	ATCATCGAAA CGAAATATG ATGATACGTT ACCACCTTTA TTCGATGAAC TTCCAAAGGA	2340
	AGAGCCTAAA TCGAAACCTG TTGTAGAACC TATGGCACCT AAAAAACAAC AAGAAACAAA	2400
25	ACCGATGACA GAGAAACCAA TCACAGTGCC TAAAGCAGAA CCGGTGGAGC AGAAACATAG	2460
	ACCTTCTAGA CAAGATAATT CTGACGAAAT TAGACGTCAA TTAGAAAAAT CACTTAGAGA	2520
	TGATATTAAA ACGATTCGTA CTGACATTGA TAGAGAAAAA GAAAAGCAAA TTGCTAAAT	2580
30	GGAAAAACGT GCTAGAGATA TTATTGAGGA TAAATACTTA TCTGAACGTA CAAAACGTTT	2640
	GAAATTAAAG CAGCTGCTTA ATTCTCAAAA TGTCGAAAAA GATTTGACTA AATCAGCGTT	2700
35	CCAATTTGAT AAAGATGAAG TAATCAATGG TATGATATGG TCAGAAATTT TAGCTAAACC	2760
	AAAACAATTA TAAATTTTT TGAAAACAAG CACTATCGTA ATGGTAGTTG CTGTGTTTTT	2820
	TACGTTAAGG AAAATTAAAA AACAAAGAGA ATTTTTTCGAG AAATATTAGT TATTTAAATT	2880
40	ACAGCAAAAA ATTGATTAGT CTAAAATTGA ATCTGCTTTT ATGACAAGGT GAAAAGTATA	2940
	AATGATTATT TTAAATTAAA GAAAAATGAG TAAGTCAATG CAAAGATGTT TAAATCAATC	3000
	AATTGCATGA TATAATTAAG TAGATATTAA AGCATCATAG AATGAATATA AATGATATAT	3060
45	GAAAAGGAGC GCGTGATGC CTGGAATTAT ACAAATAGAC GATATGAACC AATCTCAAGC	3120
	TTTAATTGGA AATAATGATG AACATTAAAA AGCAATTGAA GAGAGTTTCG ATGTTGTCAT	3180
	CCATGCAAGA GGACAAGaAG TTGCCGTTAA AGGTACAAAA ATAGAAAACG TAGAAAAAGC	3240
50	GGAATCAGTA TTAATCAATT TGCTGAAGGT TATTGATTTA GGTAATAATA TTACAATTAA	3300
	AGATGTTGAA GCAGCTATTA AAATGGCGCA TAATAACACA ATTCAACATC TGTTAGATTT	3360

55

	GCAACGTATA TATGTTAATG CCATGAAAAA TAATGATTTA GTATTTGGTA TAGGTCCTGC	3480
	TGGTACAGGT AAGACATTCT TAGCTGTAGT TTATGCAGCA AAGCAACTCC GTAAAGGTGC	3540
5	TGTTAAACGT ATTGTATTAA CAAGACCTGC TGTTGAAGCA GGAGAGTCAC TTGGATTTTT	3600
	ACCAGGAGAT TTGAAAGAAA AGGTAGATCC ATATTTAAGA CCTTTATATG ATGGTCTATA	3660
10	TACTGTTCTT GGGCGTGAAC AAACAGAGCG ATTTATTGAA AGAgGCATTA TCGAAATAGC	3720
	GCCACTTGCA TATATGCGCG GACGAACATT AGAAGATGCA TTTGTAATTC TTGATGAGGC	3780
	GCAGAATACG ACACATGCGC AAATGAAAAT GTTTTAAACA AGACTAGGTT TTGGCTCAAA	3840
15	AATGGTAGTT ACTGGTGACC AAATCAAAT CGATTTACCT AAAGGTGTTA AAAGTGGACT	3900
	TAAGGAAGCG GTCAGTAGGT TACACAACGT TAAAGGTATA AGTATATTGA AATTAGATCA	3960
	GAGCGATGTA GTCaGACATC CATTGGTAAG TAAGATCATT GAACATTATG AAGGAGAGAA	4020
20	TTAAATGTTT ACGATAGATT TTAGCGATCA CACAGGCTTA GTTAAAGATG CTTGGTATAA	4080
	ACAAATTGAA GATTTATTAG AATTTGCTAA AAAAGAAGAG CATATAGAAG ACGATGCTGA	4140
	GCTTTCTGTT ACATTTGTAG ATAAACAAGA AATACAAGAA ATTAATCGAA CATATAGAGA	4200
25	TAaRgWtAAR GTTmCaGATG tAaTCyCaTT tGCTTTAGrA GrAGATGAGC CmGaGATkGA	4260
	TtTTAGTGGT CTTGATATAC CACGTGTTTT AGGGGATATA ATTATCTGtA CGGATGTAGC	4320
30	GCAAGrACAA GCAAACAATT ACGGACATTC TTTTGAACGA GAATTAGGAT TTTTAGCATT	4380
	ACATGGATTT TTGCATCTAT TAGGTTATGA TCATATGACT GAAGCGGATG AAAAGGAAAT	4440
	GTTTGGTCGA CAAGATACAA TATTAAACGC ATATGGATTA ACACGAGACT AATTATGAAA	4500
35	AGGTTTAAAT ATGCACTTGA TGGGCTGAAA ATCTTAATTC AAAAAGACTA TAAATTTCTT	4560
	TTACATGTGT TTGCAATGAT TGTTGCTATT GTCTTTGGTC TCGTACTAAA TATTAATCGG	4620
	ATTGAGTGGA TATTTATACT CAITGCTATT GCATTAGTTC TCACTGTTGA AGCTTTAAAC	4680
40	ACTGCTATTG AATATGTTGT CGATTTAGTG ACCGTTGAAT ATCATGATTT AGCTAAATAC	4740
	GCTAAAGATA TTGCGGCTTT TAGTGACTT ATAGTTTCAA TATTAGCATT TATTATAGGT	4800
	TTAATAGTAT TTTTACCACA TTTTATAGCG TTATTTTAGG GAGGCATATA TGAGTTATCA	4860
45	ACCTCATTAT TTTCAAGAAG TTAGAAAAGC ACAACAAGAA TCATATTCGC CATACAGTCA	4920
	ATTTAAAGTA GGGGCTTATT TAAAAmCGAA AGACgGTAGA ACTTTTTATG GTACCAATGT	4980
	AGAAAATGCT TCTTATCCAT TATCGATATG TGCTGAACGA GCTAGTTTGG TATCGGCAAT	5040
50	TTCTCAAGGA TACAGACCAG GTGATTTTGA ATCAAtAACT GTAACCGTAG ATGCAGATAA	5100
	ACCGTCATCA CCTTGTGGTG CATGTCGTCA AGTTTTGAAG GAATTATGTG ATGATGATAT	5160

55

	ACCATTTGGA TTTTCAGGAA AGGATTTAGA ATAAATGACA GAACATAAAT CAGGATTTGT	5280
	TTCAATTATA GGTAGACCAA ATGTAGGAAA GTCAACATTT GTTAATAGAG TGATCGGCCA	5340
5	TAAAATAGCA ATCATGTCCG ATAAAGCTCA AACAACTAGA AATAAAATTC AAGGTGTTAT	5400
	GACAAGAGAT GACGCGCAA TTATATTCAT TGATACGCCA GGTATTCATA AACCTAAACA	5460
	CAAATTAGGT GACTATATGA TGAAAGTCGC TAAAAATACA TTATCTGAGA TAGATGCAAT	5520
10	CATGTTTATG GTTAATGCCA ATGAGGAmAT TGGACGAGGC GATGAATATA TTATAGAAAT	5580
	GTTGAAAAAT GTTAAGACAC CAGTATTTTT AGTATTAAAT AAAATAGATT TAGTGCATCC	5640
	AGATGAATTA ATGCCAAAGA TTGAAGAATA TCAAAGTTAT ATGGACTTTA CAGAGATTGT	5700
15	ACCTATTTCA GCATTAGAAG GGCTAAATGT CGATCATTTT ATTGATGTTT TAAAGACGTA	5760
	TTTACCCGAA GnACCTAAAT ATTATCCAGA TGATCAAATT TCAGACCATC CTGAACAATT	5820
20	TGTAGTGGGT GAAATCATTC GTGAAAAAAT CCTTCATCTT ACAAGTGAAG AAATCCCTCA	5880
	TGCGATTGGT GTTAATGTGG ACCGTATGGT TAAAGAAAGC GAAGATCGTG TTCATATCGA	5940
	AGCAACTATA TATGTTGAAA GAsGTTTCGCA AAAAGGAATT GTCATTGGAA AAGGCGGTAA	6000
25	AAAGTTAAAA GAAGTAGGaa AAcGTGCGAG ACGTGAaATA GaAATGctTC TAGGCTCTAA	6060
	AGTTTACTTA GAATTATGGG TCAAAGTTCA AAGAGACTGG CGAAACAAAG TTAACTTTAT	6120
	TCGCCAAATT GGTATGTTG AAGACCAAGA TTAATCTTAA AAGTGGTGAA GATAATTGTT	6180
30	AATGCGCCAA AAAGGGATTA TCATCAAAGC AGTTGATTAT GGTGAATCTG ATAAAATTAT	6240
	CACGATTTTA AATG	6254

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 405:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3710 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 405:

45	GTTGTCTCTAA ATGTTTCTTG nATGAAACGA GTCAATGTAA ACTGATATTG CTGTATTTGT	60
	TGCAGCAATT CATATTGGTC TGGTGTGCA ATAACAGCAG CTTGAGTTGG AGTCGCAGCT	120
	CTGATGTCTG CAGCAAAATC ACTTAATGTA AAGTCTGTTT CATGACCAAC TGCTGATATA	180
50	ATCGGTGTCT TACAATTATA TATTGCACGG ACGACAGCTT CTTGTTGAA ATTCCATAAA	240
	TCTTCTATGG ATCCACCGCC TCGACCTACA ATAATGGTAT CTACACCTAA ACTATCTGCA	300

	TGTATTTGTT	CAGCTAATGG	AAAACGACTA	TTTATCGTTG	AATGGATATC	TCGAATTGCG	420
	GCACCTGTAC	TCGCTGTAA	AACTGCAATT	TTTTTAGGAA	ACTTAGGTAT	TGATTTCTTA	480
5	TTCGCTTTAT	CAAAACAACC	TTCTTCAGTT	AATTTTTTCT	TTAATGCTTC	TAATTTTTGA	540
	TATAAGTTCC	CTATACCATC	TAATTGCATT	TTATTTACAT	AAATTTGATA	GTTTCCACGA	600
	CGTTCAAAAA	CAGAAACACG	TGCTTCTAAT	AAGACTTCAT	CTCCTTCTTT	AGGTTCGAAG	660
10	TTTAATTTAG	AAGCACTACC	TTTGAACATC	ATGGCACTTA	TAACGCTTTC	TTTATCTTTC	720
	ACATTAAAGT	ATAAATGaCC	ACTTGaATGc	TTTTTGAAAT	TTGAAAGCTC	ACCTTTAATC	780
15	AATACAGATT	GGAGATGTGG	ATCTTGATCA	AATTTATATT	TAATATATTT	CGTTAAAGCT	840
	GAAACACTTA	AATAATCTGA	CATATAACAT	CACTCAATTT	TATTTTTTTA	TATTACTCAA	900
	TACACCATTT	ATAAATTTAT	AATGATCATC	ATCACTGAAT	TGTTTTGTGA	ATTCAACTGC	960
20	TTCATTCAAT	ACGACTTTAG	CAGGTGTATC	ACTGTGTAAT	ATTCATATG	TTGCCATTCT	1020
	TAAATAATA	CGATCCGTTT	TTAATAAACG	TGCAATAGTC	CAATCTTTTA	AATAAGGACT	1080
	AATTGTCTCG	TCTAATACAG	GTTCTGTATC	TTTAACGCCA	GAAACTAGCC	AATGAATAAA	1140
25	TTCGAAGTCT	AAATCTGGAT	TATCGTCTTT	AATAAAGCTT	ATCGCTTCAT	TTATCGTTAA	1200
	ATCACTGTCC	TTCATTTCTA	ATTGAAATAA	AGTTTGAAAA	GCTTGCACTC	GGGATTCTTT	1260
30	ACGACTCATT	TTAACTCCT	TCAAACGTTT	GTATTTTTCT	TTATTTAATT	ACTGAATTAG	1320
	GTATGACATT	ACTTTTCAAT	AACGATTGTG	GTAATGTGAA	TATTAATTG	CTTAGGTTCT	1380
	ATCGCTGTCA	TATTAGAAAT	TGAATTAAAA	ATTGACGTTT	GAATTTTGTT	TGCAGTTTTT	1440
35	GAAATATTAA	CACCATGTTT	TAATGCACAA	TATACATCTA	TATATATGCC	ATCTTCTTTA	1500
	CTCTCGATTT	TTAAATCACG	GCTTAAATTT	TTACGACTAA	CTTTTTCTAA	ATTTGTTTCT	1560
	TTTAATTCAG	CAAAATGGCC	AGTGATGCCT	TCGACTTCCG	AAGTAGCTAT	ACTTGCAATA	1620
40	ACAGATAGCA	CTTCTGGCGC	TATTTCTACT	TTACCTAATT	TTGAATTTGA	ATAATCAGTT	1680
	ACTTTGACCA	TGGATTGACC	TCCTATTAAC	CTTCATCATT	CATAATGCTA	TTTTGCTCTA	1740
45	AAAAGTTTGT	ATTAAATTTA	CCGCTTCTAA	ATATATCGTT	ATTCAATAAT	TTAATATGGA	1800
	ATGGAATAGT	TGTATCAATA	CCAAGAACCA	CAAATTCATT	TAGTGACCGA	ATGCCAGCCA	1860
	TAATCGCTTC	ATCTCGTGTC	GGTTCATGTA	TGATTAATTT	CGCTACCATC	GAATCATAAT	1920
50	ATGGCGGTAT	CGTATAATTA	GTATAACATG	CTGACTCTAT	TCGAACACCA	TATCCACCTG	1980
	GTGCAAGATA	TTGCTCmATT	TTACCTGGTG	ATGGCATAAA	GTTCTTGTA	GGATTTTCAG	2040
55	CATTAATTCT	AAATTCAATT	GCGTGTCCCTG	TTAATTTAAT	ATCTTCTTGT	TTATACGGTA	2100

CAGTTACAGG ATGTTCTACT TGAATACGTG TATTCATTTT CATAAAATAA AATTTATTAT 2220  
 CATTTAATC ATATATAAAC TCAATTGTTT CCGCATTTTC ATAATTTACA GCTTTGCTG 2280  
 5 CACGAAGTGC GGCATTTCCC ATTTACAGAC GTGTTTCATC ATCTAAAATT GGGGAAGGTG 2340  
 CTTCTTCCAC TAATTTCTGC ATACGTCTTT GAATTGTACA ATCAGTTTCT CCTAAATGAA 2400  
 TTACATTACC ATAGCTGTCC CCAACAATTT GGATTTCAT ATGGCGGAAG TTTTCGATGA 2460  
 10 ATTTCTCCAT ATAAAGTCCA CCATTACCAA ATGCAGTTTG AGCTTCTTGT TCTGTCATTC 2520  
 GGAAGCCAGT TTCAAGTTCT TTTTCATCAC GAGCAACACG GATACCTTTT CCGCCACCGC 2580  
 15 CAGCAGTAGC TTTAATGATG ACCGGATAGC CAATTTTTTT GCGGATTTTC TTAGCTTCTG 2640  
 AGACGTCTTT CATTAAACCG TCACTACCAG GAACAACTGG AACATTGGCT TTGATCATTT 2700  
 CTGCCTTAGC AACATCTTTG ATACCCATTT TTTGGATAGA TTGATACTT GGTCCAATGA 2760  
 20 ACTTCAATTG GcATgctTCG CATAATTCTG CAAAATCAGC ATTTTCAGCT AAAAAGCCAT 2820  
 AACC CGGATG AACGCCATCA CAACCTGTAG AAGTTGCAAT AGATAAGATG TTCGGAATAT 2880  
 TTAAATATGA ATCTTTAGAC AAAGTGGGAC CTACGCAATA TGCTTCATCA GCAATTTGAG 2940  
 25 TATGTAGCGC ATCTTTATCC CCTTCAGAAAT AGATTGCAAC AGTTTGGATG CCTAAATCAC 3000  
 GACAAGCGCG AATAATCCTA ACTGCGATTT CACCGCGGTT TGCAATTAAA ACCTTTTTCA 3060  
 TTATTTTACC TTAATAACG GTTGGCCATA CTCTACCATT TGTCCTTCTT CTACTAAGAT 3120  
 30 TTCAACAATT TCACCTGAAA TTTCTGCTTG AATTTCAATTA AATAGTTTCA TTGCCTCTAA 3180  
 AATACACACT GTTGTTCAT TTGAACAGT GTCCCCAAT TGACATATG CTTCTTCGTC 3240  
 35 TGGAGATGGC GATTGTGAAA ATGTACCTAC CATAGGTGCA TTAATTGTTT TGTGATTATC 3300  
 TGAAGTTGGC TTTGGAGCTT CAGTTTTATT GCTATCAGTT GATTGTGCTT GAGGCATAGG 3360  
 CATTGCCGCA GCTTCAACTG GCATTTGTGA GATTGTGGC GTGATAATCT CAGTTTCTTT 3420  
 40 TTCTTTCTTA AGCGTCACTT TGCCTTTAGT ATCTTCAATA TTGATTTCG TTAAGTTGA 3480  
 TTTATCCAGA ATTTCAATTA ATTCTTTGAT TTCTTTAAAG TTCATTATTA CTGACTCCTT 3540  
 CAGTTTGT TTCTATACCC GTCTATTTTA CTGAGACAA CTCTTCAATT CAAGCATGTT 3600  
 45 CATATTGCTG GCGACATTAT AAGTCTATCC CAAAGTTATA ATAAACCAC ATTTTAAATT 3660  
 AAAAACACTT GTGTATTAT TACTTAACAT TGACTCATCT TAACTCTTGA 3710

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 406:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1705 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 406:

5	GCTGATGTTT GTTGCCTTTT TCCACCAGAC AATTCAGAGG GATATTTATC ACTAATATCC	60
	AATATATTTA ATGCTTCTGC TACTTTTTC TAACGATTTA ACATATGTTT TTTATCTAAC	120
	TTCTGTACCG TTAGTGGTAA CATTATGTTT TCTTTAACAG TCAATGTATG CAGTAAATTA	180
10	TACTCTTGAA AAATAAAACC AATATCATGC TTGCGTATAT CAGATWATTC CTTGTTTGAA	240
	AGCTTTTCTA ATTTTTTTCC TTTTAATGTA ATAGAACCCT GTGAAATATA ATCAATTGAA	300
	CTTAAACAT TTAATAATGT CGTTTTCCCA GATCCAGAGG GACCCATAAT AGCAATAAAC	360
15	TCGCCTTCTT CAATAGACAT ATTGATATCT CGCAACACTT CTTGTGCCAT TTTTTTAGTT	420
	CCATATATTT TTGTAAATTG TTTTACTTCT AAAATTGCCA CTTTAACACT CCTATAATTT	480
20	ATCTTAACTT CATTTCTTTT AGGCTTTGGC ACTTGTATCT TCAATTTAAC ATATGACTAA	540
	CATCTATCTT ATTATAACGT TGAAGCTGCA TTGATGTATC AATTCTAAGT AACAAAACGC	600
	ATGTTTAAAA TGACAAATTT GTCACCTCCG ACATGCGTTC AACAAATTTCA TTTTGTAATG	660
25	GGAAAATCAA TCTGACAGTT GTCCCTTAC CAACAGTCGA CGTGACTTGC AGGTGAATAC	720
	CTAATTGATC CTTTACACTA TTTACTAAAT ATAGACCCAT ACCTGAAGAC GTCGTTTCAT	780
	TTCTGTTAGC CGTTGACGTA AATCCTCGTT CAAATATTCG CGGCATATCT TTTTACTAA	840
30	TACCTCTGCC ATAGTCTTTA ATATATAACG AAACATGTTG ATCATTTAAT TCTGTCCCAA	900
	TTTCAATATT AAAATTCTCA CTATATTTCA ATGCGTTTGA CAAAATTGT CTAATAATCA	960
	TACGACACCA TTTTATATCT GTATAAACAT AATCATCCAC TTTAAAGTCA ACATCAAAAC	1020
35	CAATACCTTT AACCTGACTA ATATGTCTTG TTAATTGTAT TTCATCAATG ACCATGCGTT	1080
	TAAGTGACAC GTAATCAAAA TACATATCTT TACGTTGAGA TTCTAATCTA GTAATATACA	1140
40	GCTGTGTATC TAGCATCGAG TTTATACGAG ACCATTCATA TAGTAATGCT TGTWTTCTTT	1200
	CTTGATTTTT TTCTTGATCA ATTAATAATT TCATAGCTGT CACAGGCGTT TTTATGTCGT	1260
	GCACAAATTC TGTAATGGTT TGTTCATGCA TGTCAATTG CAACTGTTGC TCAACAACCT	1320
45	TTTCTTTGTG CGCTGAGATT TGACGATATA AATAATCAAC TGTATGACGT TGAAATGGCG	1380
	TTTCCGCTAA ATCTTTATGT TTAATTTCTT CTATTTCTTT ATCTTTGTCA AAATGCTTAT	1440
	ATAATTTTAC TTCTTTAAAA TATGTCAATA AAAGAAAAAT CATTGTTAAA CTTAAATTCA	1500
50	AAGAAACAAT ATAAAATAAA CTGTCTATTG GAAAATCATA ATCGATTAGA CTAATGCCTA	1560
	ACATAAGGAA GTTTAAAAAC AATATCCAAA AATCCAGTT CATGCGAGAT TTCAAAAAAT	1620

55

GCACTATCCA TACTAATTTTC AGATA

1705

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 407:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1722 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 407:

15	TCAATATATC TTAAATTCA ATGATTAAAT CnATTATCAC TAGACATnAA ATACATAAAAT	60
	CCTATTCCCC ATTTTCATTT nTTAATTCAT AAATGAATCA ATAACCACCT AATAACAAAT	120
	CATATTATAC ACCTTTGTTC TCTATTTTTTC TAAGGTTTAA AAAATATTTT TAGGTAAACC	180
20	TAAAAATAGA TGTAATAAAA ACGCCTCCTC AGATATTTAT ATATCTATGA AGACGTTTAA	240
	ATACATTATA GATGGTCTGG TTCTGGGTGA ACGTATACTG AGGAAAtACC TTTTTGTGC	300
	AAATGATGTT CGACATTGTC ACAAATTTGA TGCGCTTCTA CTAAGGAAAG GTTAGCATCT	360
25	ACAACAATTG TGACATCAAT AAACACACTA CTTCCATGGT AACGCCCTTT AATACTTTTA	420
	ACTTCTTGTA CTTCAATCAAC TTCTAAAATA TCATTGCGAT ACGCTTCTAA TTCAGTTTCA	480
	TTGAAACCAT CACTCAACAT AAAAATTGCT TCTTTAAAAA TACCAAAACC AGTATAAACG	540
30	ATTAGTAAGC CTAGTAATGT TGCTAAAATA ATATCGACAA TTGGGAAACC GATTTGCGTA	600
	AAAATTAATC CTATCGCTGT TCCAATGCTG ACTAAACTAT CCGATAAATT ATCTTTGGCA	660
35	GCCGAATTTA AAGAACTACT TTTCGTTCTT TTCGCTAGTC TTTGATTGAC TGCAAATACA	720
	ATCAACATTA CAAGACCACT GATTAAGCTG ACGATAATTG TTATTGCGTT AGGTACAACG	780
	TCATCTTCTT TGAACAAACG AGGTGCATTT TGAATAACTA CTTGGATACC TACAAACATA	840
40	ATGACAAATG ACACCAATAA TGAAGAAATA TTTTCAGACT TCAAATGGCC ATAAGGATGA	900
	TTTCGATCGG CAGGTTTAAT TGAAATTTTC AATCCAATAA TAACAGCTAA AGAAACGATA	960
	ATATCTGTCA TATTGTTTAA TGCATCGGCT CTTACAGCTG CAGAGTTAAA GACAAAACCC	1020
45	GTGACATACT TAACAATAGA TAAGATTATA TATACAATTA AACTCAAATA AGCACCGCGT	1080
	TGCGCCAATT TAAGATTTTC ATTATGAGAC ATGCGTTGAA CCACCTTGAA TTAGTATAGT	1140
	AACAATATTA TGAATGATTC ATTTTAATTT TACAACGTTT TTAATTTTTA TAAATTTTTA	1200
50	TAAATTTAAA CTAATTTATT CATTGCAAC CCCTAAAAAT AATTTTtagC CTTTCTGCGA	1260
	ATTTTATGAG CTAGAAAGGC GCCCAACTCT CCCTGTTTGT TAACTTTTCGC CTCGAAAGTT	1320



	CGAAWTTAT GAGCTAGAAA GGCTTATGCA GTTGACGTTT TACGTCCAAC TGC GTTCCTC	1440
	CGTCTCTTC AAATTTATTT GTAGAAAGG CACCCAACTC TCCCTGTTG TTAACTTTCG	1500
5	CCTCGAAAGT TTCTATGTTA GAACCTATG CATGAGTTGC GAATATCTA ATGTCGTGAA	1560
	CTAATTATAT AGAAGAAAA GTGCATCAAT GACAAATTAA ATGAGATTTC TACTCTACCA	1620
	AACTCTCTC GAAAGACAAT TTTCTCCTCT ATTTATTAGC AACTATTGCA TTTCTCCATA	1680
10	TAGTACTTCC TTAAGTAAAA TACGCTGAAT GTCTGAATTA AA	1722

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 408:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5521 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 408:

	GCGAGACCCC CTGAGGGAGC AGTGCCCGT CGAAGACCCG AGGCTGAGAC GGCACCCTAG	60
25	GAAAGCGACc ATTYCAATAC GAATTgTGat AAATAGAGAA CAGCAGTAAG ATATTTTCTA	120
	ATTGAAAATT ATCTTACTGC TGTTTTTTTA GGGATTATG TCCAGCCTG TTTTTGTGA	180
	TTTTTAATAA TTTGAATATG GAAAATGTAT TATTCTCTCA TTTGTATAGA TTGTATTTAA	240
30	TAAGTTAATG TAATCCTTGA GCTCAGGATT AATAAAATTC TATAACCTTA ATTATTTTCT	300
	CGATACAAAG GGTTATTAAC TTTAATATAA GTATAATGAT GTGCCTCATC TTCAAGACGC	360
35	ATTGTTGTAA CACACTTATA ATCTATAAAT GCGCGAACA TGGTATCTTT AATTTCaTTT	420
	ATGCGATTCT CATTTACTTG ATTAGATTG TGTGTCGAAA GTACAAGTTG ATCaAAAATG	480
	TTATCTAGTA CATCACGAAC GATATACCAC ATATGTCTTT CTAAGTTTGA ATCATTTGAT	540
40	GCTTTAGAGA TTGTAAGAAT TAATTCGCCT AAATGGTTTT GAACGGTAGA ATAAAAGGCT	600
	TTGTTAAACA CAGACGTTTT TGAATCAGTA AGAATTCTTG ATTTTTCATG GAAATGAGAT	660
	GTACTGTATA CCATTTCAAT TAGTTGTGCT TTATCAATTC TTAAACCTTC AAAGTCTCTA	720
45	ATATACATCG TGTCCAATAG ACCATCTTTC CGAAATGTTG CAATAGCATT TTGCAAGTGA	780
	GCCTCTAATG CAATGCCATA TTTAGTAACT AGTGGGATTA CGAGACCAAG CAATGCTTTA	840
	CTATAAGTTT CAACCCACGA TTTGCGCGAT GATTCAAAAT CAGACAATGA TGCAGCTGAT	900
50	TGATAACGTT TAATCAATGT CACGATAGGT GATTCAATGT TAAATGGGTA GGTGCAACT	960
	AAGCTTGAAG GAATCAATGG TGTGACTTCT TGTGGAATCA TTTGGTATAT ATTTTTTCTA	1020

	AAAAATGAAT ACCAGCAACT TCATCAATAA TTGTTGATGC ATAGGACTTA AATATGACAT	1140
	CTTTCTCCAA AATATCATTT AAAATACGTG TCATTAGTGG ACCATTGTGC GTCGTTTGT	1200
5	CTGATAATGT ACGAATCTCA CCTGTAATAT GAACGTTTGT CGACAATTTG ATGTGTGGCG	1260
	ACATAGCTGG GTATTTAGGA ACTAATGTTC TGAAAGATAA ACCAGCATAA TAATCCaACG	1320
	TATGTTTTGC TTCAATGATT AATTCTTTAT CTACTTCTGC TTGATAATCA GAATGTAATA	1380
10	CGTCATCTAA TTGCCATGGA TGAACAATCA TAATGTGATA ATCATTAAAG TTAAACTTTG	1440
	GCGTAAATTC ATTTTCTAAT TGTTTAATTA AGTCCGGAA TAGTTGATGA ACAGTTGTAT	1500
15	CATAATCTTT AGACAGTGAC ATAGTACGGC TTAATTTACT GTGAATCAGT ACTATTTTCA	1560
	ACTTAATAGG TTGATTGAAT TCTGAAGAAT ATAGGAATGT TTGTAATGCA TTAAACCTT	1620
	TACGTAATTT AGCCCCAGGA TGTAGCGGAT GACCTTCAAT AACGGCTTGC TCTGAACGCA	1680
20	AGTAACTATC TTCGCTATTT TCGATAATAT TAAATAAAGG TGCAGAATCA TGTTCATTG	1740
	ACAGTGCTTG ATAGCTAATT GCAAATGTCA TATtAGTtGC ACTGTTTATT AAATCTTGCT	1800
	GAAATTGATC ACTAGCAGCA TTTTTTAAAT CTGGTGCTTC AATTAAAATA CACTCAAGAA	1860
25	TTTCATTTGG ATGGTGACT CGTGTAATCG TATTTGTAAT GTCATCTTTA ATGTAGAAAG	1920
	GGCCTTCAAC ATCAATTCTGA TCAAAGGCGT GTTCTCCAGT GATAGGAGCA TATAATGTTT	1980
	GCTTAGCTTG TGGGAAGTGG ATTTCTAGTA TATGAGTCGT TGAGATATCT AACATAATCA	2040
30	AATCACGACT CAATATTTTC TTACTTTGAG TGCGCGCTTT AACTAAGTTT TCGCGATGCA	2100
	TTGATGTGAC CAATCTCTGA GTGACTTTAT CTCTTCCTTG TAAATCATC TCTTTAAAAA	2160
35	TATTAGCCCA ATCGCTATTA TGTGTGTGTA AAAATAAATA TGTTTCTTGT TCTTCTTGT	2220
	TAAATTTTAA TGTCTGTTCT TTAAAAATTA AGTTCAAGTT CATAATTCAC CTCTATGAAA	2280
	TATTTTACAA AAGCAAGATA GATTTGTATA ATCCATATTA ATGATAATGA yTCTTATTAT	2340
40	CAACAGAATG CGGGTGTAAG TTTTATGACA AAATATTTTT TTAGCAGTTC TTTTCTACTA	2400
	TTTCTAGGTA ATTGGATTGG ACAAATAGGG CTAAATTGGT TTGTACTTAC CACTTATCAT	2460
	AACGCAGTTT ATCTGGGGAT TGTCAATTTT TGCAGACTTG TACCAATATT ATTACTAAGT	2520
45	GTGTGGGCAG GGGCAATTGC CGATAAATAT GATAAAGGGC GATTGCTGAG AATTACAATT	2580
	TCATCATCAT TTTTAGTAAC TGCAATTTTA TGTGTGCTCA CGTATAGTTC ACTGCAATTC	2640
	CAATTAGCGT CATTATTATA TATGCGACAT TAAGAGGGAT TTTAAGTGCG GTTGAAACAC	2700
50	CTTTAAGACA AGCAATCTTA CCAGATTTAT CAGATAAAAT ATCTACTACA CAAGCTGTmw	2760
	CATTTCAATC ATTCATCATT AATATTTGTC GTTCAATAGG GCCTGCCATT GCTGGTGTCA	2820

55

	CAGTTTTATT ATGCTTACCA TTACATTTTA AAGTAACTAA AATACCTGAA GaTGCATCAA	2940
	GaTACATGCC GTTAAAAGTT ATTATAGATT ACTTCAAATT ACATATGGAA GGTCGACAAA	3000
5	TATTTATAAC ATCATTATTG ATTATGGCGA CAGGTTTTTC ATATACGACA CTTTACCAG	3060
	TTTTGACAAA CAAAGTATTT CCGGGGAAAT CTGAAATATT TGGTATCGCT ATGACGATGT	3120
	GTGCCATTGG TGGTATTATT GCAACGCTAG TTTTACCTAA AGTACTTAAA TATATTGGTA	3180
10	TGGTAAATAT GTATTATTTA AGTTCATTTT TATTTGGCAT TGCTTTGTTA GGTGTGGTAT	3240
	TTCACAATAT TGTCATCATG TTCATTTGTA TTACATTGAT TGGGTTATTT AGTCAATGGG	3300
15	CACGTACGAC AAATCGCGTT TATTTTCAAA ATAATGTTAA AGATTATGAA CGTGGTAAAG	3360
	TACTGAGTAT TaTTATGATG GgATAGAGGT ATGaTTCCAT kGGGAAGTCh ATTAATGAGT	3420
	ATATGTGCAG ATGTGTTTGG CATTGTTAGA ACTTTTTCAA TAATGGGAAT AAGTACTATA	3480
20	TGCATTACAA TGGTATTCTA TTTTATAAAT AGAAAGTTGA AGTTAAAGTT GGAGGAAAGT	3540
	AATCATGGTA TATCTTGAAT GGGCAAAGGC AGATAGAAAT ATTCAATATC GTGTAATTAA	3600
	CGCCATTATT AAAGAACGTA TTTACCCCGA GCAAACATTT ATTTGCGAAA AAGGATCTTT	3660
25	AATTGAAATT CAGTATCATA TGCATGTGTT GACTATTGAA GTTGTTAGAA AAAGTGCATT	3720
	AGAACGCTAT GAGTTTACAG GTGATATTAC TTATTTAAAT AAAGGTGAAA CGTCATTAAT	3780
	TATAACTTTA GAAGGTTTAT TAGATGTGTT GAATCATGAC TTTGATATCC CTATTTGAGA	3840
30	GCGACTACGC GAAGAGTTAA TACACAGTCG AGATAGTTTA GTTGAAACAT ATAAGCAAAT	3900
	GTCTCACAGA CAAACGTTAA TAAGTCmAAG TTTTAAATTT TCAAGGTTAC CACAAGATAT	3960
35	TAACTTTTTT TCakGGTtAC AACATGTAAA AGATAGTGAT AAGACAGATG ATTTAACTTA	4020
	TTCTGAGAGT TTGGTACCAG AGGGGCATCC AACACACCCT TTAACCAAAA CGAAATTGCC	4080
	CTTAACTATG GAAGAAGTAC GAGCATATGC ACCTGAGTTT GAAAAAGAAA TCCCTTTGCA	4140
40	AATTATGATG ATTGAAAAAG ACCATGTTGT GTGCACAGCT ATGGATGGTA ATGATCAATT	4200
	TATTATTGAT GAAATAATTC CCGAATACTA CAATCAGATT CGTGTGTTTT TAAAGAGTTT	4260
	AGGTTTGAAA AGTGAAGACT ATAGAGCGAT TTTAGTACAT CCTTGGCAAT ATGATCATA	4320
45	GATAGGGAAA TATTTTGAAG CATGGnTTGC TAAAAAATA TTAATTCCAA CGCCGTTTAC	4380
	AATACTTcCA AAAGCaACTT aTCatTTaGG ACGATGTCTT TAATTGATAA ACcATACCAT	4440
	GTTAAGtTGC CcGTCGATGC aCAAGCAACA AGTGCCGTTA GAACAGTCTC AACTGTGACT	4500
50	ACTGTAGATG GACCAAAGTT AAGTTATGCT TTACAAAACA TGTGAATCa ATATCCaGGA	4560
	TTTAAAGTTG CTATGGAACC GTTCGGTGAA TATGCAAATG TTGATAAAGA TAGGGCACGT	4620

55

AGTGCAAGTC TAGTTAATAA AAATCCAATA GATCAAAAAG TTATCGTGGA TAGTTACTTA 4740  
 GAGTGGTTAA ATCAAGGAAT TACTAAAGAA AGTATTACGA CATTATTGA ACGATACGCT 4800  
 5 CAAGCATTAA TCCCGCCTTT AATTGCTTTT ATTCAAAATT ATGGAATTGC TTTAGAAGCA 4860  
 CACATGCAAA ATACAGTAGT GAACTTGCGG CCACATTTTG ACaTTCAATT TTTAGTGAGA 4920  
 GATTTAGGTG GTTCTAGAAT TGATTTAGAA ACATTACAAC ATCGTGTATC AGATATTAAA 4980  
 10 ATTACAAATG ATAGTTTAAT AGCTGATTCT ATAGATGCAG TGATTGCAA ATTCCAACAT 5040  
 GCTGTTATTC AAAATCAAAT GGCAGAATTA ATCCATCATT TTAATCAGTA TGATTGTGTT 5100  
 15 GAAGAAACCG AATTATTTAA CATAGTACAG CAAGTAGTAG CGCATGCCAT TAACCCAACA 5160  
 CTACCACATG CAAATGAGTT AAAAGATATT TTGTTTGGAC CAACAATTAC TGTCAAAGCG 5220  
 TTGTTAAATA TGAGAAATGGA AAATAAGTA AAGCAATATT TAAATATTGA GTTAGATAAT 5280  
 20 CCGATAAAAA AAGAGGTGTA GTACTACATG GCACACGTTA ACATAAATAT ATCGAAGATT 5340  
 AAaTATAACG CCAAAGTACT TCAAACAGTT TTTCAAAGTA AAAATATGCA ATTCACACCA 5400  
 GTAATTAAGT GCATAGCTGG TGACCGTACA ATTGTAGAAA GCTTAAAAGC GTTAGGTATC 5460  
 25 AATCATGTTG CAGAATCCAG ATTGGATAAC ATAATTAGTA TTGCAGATAC AGGATTTAAC 5520  
 A 5521

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 409:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1261 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 409:

40 AGGTCGTCTr GCaGmAGmGm TATTTGACGA TCTTGCTTTC CCAAAACACG ATGATGATTT 60  
 TAACATACTG TCTGATTATA TTGAGACACA TGGTGATTTTC aCATTGCCAA TGTCTGTATT 120  
 TGATGATTTA TATGAAGAAT ATACGGAATG GCTAAAATTT TAATATAATT TTTAATAATA 180  
 45 ATAGTTAGAA CCAGGGTGAT GCAATTCGTT ATCCTGCTTT TAATTTAAAA TAACTAAGT 240  
 TGTGACTAAA AATTAATCAA TTATAGTGAA ATATGGTGCG CTATCTTGCA TAAATTGATA 300  
 TGATTAACTA CACAGAATTT AAAAGTACAT AATACATAAT AAGGAAGTGA TACAATGGAT 360  
 50 GATAAGCAAC ACACATCTTC ATCCGATGAT GAACGCGCTG AAATTGCAAC AAGCAATCAA 420  
 GACCAAGAAA CTAATTCATC GAAACGCGTT CACTTAAAAC GTTGCAATT CATATCAATA 480

CAAAAAATAA GTGGTTTAAA CAAACTGAT CAAGCAAAC TAAATAAAAT TGAAAATGTG 600  
 TATAAAATCT TAAATAGTGA TTATTACAAA AAACAGGACT CTGACAAGTT AAGTAAAGCT 660  
 5 GCAATTGATG GCATGGTCAA AGAATTAAAA GATCCTTATT CTGAATATTT AACAAAAGAA 720  
 CAAACGAAAT CCTTTAATGA AGGTGTTTCA GGTGATTTTG TAGGTATTGG TGCAGAAATG 780  
 CAAAAGAAAA ATGATCAAAT TATGGTTACT AGTCCTATGA AGGGATCTCC AGCAGAACGT 840  
 10 GCTGGCATTG GTCCTAAAGA TGTCATTACT AAAGTAAATG GAAAATCAAT TAAAGGTAAA 900  
 GCATTAGATG AAGTTGTCAA AGATGTTTCGT GGTAAAGAAA AACTGAAGT CACTTTAACT 960  
 GTTCAACGAG GTAGTGAAGA AAAAGACGTT AAGATTAAAC GTGAAAAAAT TCATGTTAAA 1020  
 15 AGTGTGAGT ATAAGAAAAA AGGTAAAGTT GGAGTTATTA CTATTAATAA ATTCCaGAAT 1080  
 GATACATCAG GTGAATTGAA AGATGCAGTT CTAAAAGCTC ACAAAGATGG TTTGAAAAAG 1140  
 20 ATTGTTTTAG ATTTAAGAAA TAATCCAGGT GGACTACTAG ATGAAGCTGT TAAATGGCA 1200  
 AATATTTTTA TCGATAAAGG AAAAAGTGT GTTAAACTAG AAAAAAGGTAA AGATACTGAA 1260  
 G 1261

25 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 410:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2488 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 410:

35 AAATATATTG AANAGANAAT TACTAAGATT AAATCTCTT AAAATATCCC TGAAATAACG 60  
 TCCTAAAGAT TAAAGGAAAG AGGTTATAAG TTATGCCAAA ATTAATTTTA TGTCGTCATG 120  
 40 GACAAAGCGA GTGGAATGCT AAAAAGTTAT TTACTGGATG GGAAGATGTT AATTTATCTG 180  
 AACAAAGGTAT TAATGAAGCG ACTAGAGCAG GTGAAAAAGT AAGAGAAAAT AACATTGCCA 240  
 TCGATGTAGC TTTTACATCG TTATTAAACAC GTGCTTTAGA TACAACGCAT TATATTTTAA 300  
 45 CTGAATCTAA ACAACAATGG ATTCCTGTAT ATAAAAGCTG GCGTTTAAAT GAACGCCACT 360  
 ATGGTGGATT GCAAGGCTTA AATAAAGATG ATGCTAGAAA AGAATTTGGA GAAGAACAAG 420  
 TACATATTTG GCGTCGTTCT TATGATGTGA AACCACCTGC TGAAACCGAA GAACAACGTG 480  
 50 AAGCTTACTT AGCTGATCGT CGATATAATC ATTTAGATAA ACGTATGATG CCTTATTCTG 540  
 AAAGTCTGAA AGATACTTTA GTTCGAGTGA TACCATTTTG GACAGATCAT ATTTCACAAT 600

55

	TTAAATATCT TGAAGATGTG TCAGATGAAG ATATCATTAA TTATGAAATT AAAACAGGTG	720
	CACCGCTTGT TTATGAATTA ACGGATGATT TAGAAGTTAT AGATAAATAC TACTTATAAA	780
5	AaAAGAGCTG CATGTACACA AGGAGTGAGT GTATATGcAG CTCTTAAALa TGTGAAGTAA	840
	TGTAAGGAAA TAGTTAAGTA TAGAGTTTAT ATTAACGAGC TAGGGATACT CGAAAATATA	900
	GTTAGACATA CAATATAGTC AAATTA AAAAC AATTATTTTCG CTCTTTTATG TTGCTTAATA	960
10	ATCTTTAAAG CACGCTTTCT TGTTTTAAATG TTAGGGCTAT TTAAATTACG ACGAGCAGTC	1020
	TGTAAATCTA ATTTTCATCTC TATCCCTCCT TGTAATATA TTATGACCGA TAACTACTCA	1080
15	TATGTAAATA GTAATGATTA CGTTTTAAAG AAATTGTAAT AAAGTCGTGC TAATTTTTTG	1140
	GAAATGGGT ATAATTACCG GATATCTAAA AATGTGTGTC GTTTTTTAGA TGGTGAGGGG	1200
	GAAGCTTTAA ATGTCGAAGA AACAAAAATT AACGATGATT ATTACTATGC TGATGGGTGG	1260
20	ATTTTTTGA TTATTAAATG AAACACTATT AGTGACGGCT TTACCAAGTA TTATGAAAGA	1320
	TTTTGAAATT TCATATACAC AAGTTCAATG GCTGACAACA GCTTTTTTAT TGAATAATGG	1380
	GATTGTTATT CCTTTGTCCG CGCTTGTTAT ACAACGTTAT ACAACAAGAC AAGTGTTTTT	1440
25	AGTGGGTATT TCTATCTTT TCTTAGGTAC ATTACTCGGC GGCTTGAGTC CGCACTTTGC	1500
	AACATTATTA GTTGCTAGAA TTATTCAGGC GTTAGGCGCA GGTATTATGA TGCCATTGAT	1560
	GATGACAACG ATTTTGGATG TTTTCCAACC ACATGAACGC GGTAAATATA TGGGGATATT	1620
30	TGGTTTGGTA ATTGGTTTAG CACCAGCTAT TGGACCTACT CTTTCAGGTT ACCTTGTTGA	1680
	ATATTTTAAC TGGAGATCGC TTTTCCATGT TGTCGCTCCA ATTGCAGCTG TGACATTTTT	1740
	AATTGGaTTT AAAAcGATAA AAAATGTTGG AACTACAATT AAAGTACCTA TTGATTTTAT	1800
35	TTCTGTCATT TTTTCTGTAC TAGGTTTCGG cGGGTtATTG tATGGAACGA GTTCaATTTc	1860
	AGAAAAAGGT TTTGATAATC CTAcGtATTA GTATCTATGA TTGGAGGCGT TGTTTTAGTC	1920
40	GCATTATTG TAwTACGTCA ATATCGGCTA TCAACACCAT TATTaAATTT TGCTGTATTT	1980
	AAAAATAAAC AATTTACAGT TGGTATCATT ATTATGGGTG TCaCAATGGT ATCGATGATT	2040
	GGTTCCGAAA CGATTTTACC TATCTTTGTG CAAAATTTAT TGCATCGTTC AGCTTTAGAT	2100
45	TCTGGATTAA CTTTATTACC AGGAGCAATT GTTATGGCAT TTATGTCGAT GACTTCGGGT	2160
	GCTTTATATG AAAAGTTTGG TCCTAGAAAT CTGCTTTAG TAGGTATGGC GATTGTTGTT	2220
	ATTACTACGG CTTATTTTGT TGTAATGGAT GAACAAACAT CAACAATCAT GTTGGCAACA	2280
50	GTTTATGCCA TTCGAATGGT TGGTATCGCG TTAGGATTAA TTCCAGTAAT GACCCATACG	2340
	ATGAATCAAT TAAAGCCAGA AATGAATGCA CATGGTTCAT CTATGACAAA CACAGTACAA	2400

55

AACTTTTCTC CAACTATGTC AGACTATA

2488

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 411:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1105 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 411:

TTTTACAATT TCAGATATCT CTAAACACA TACCGATCCA ATGGCCAAAA TTATTCGTCA	60
AAAATTGAAA AAAGTAGGAA TTCGTAAAGG GATTCCAGTT GTATTTTCAG ATGAAAGTCC	120
AATTGTCATA AGAGAAGATG TAAAGATAT AGTTGGAGAT AAAAATGCTA TCAATCGAAA	180
AGGACAAATG CCACCTTCTT CAAATGCCTT TGTGCCAAGT GTTGTGGAT TAATTGTGC	240
AAGTTATGTG GTGAATGACG TATTAAAAGA TATTCCAGTT CGTCGCATTA AAGACAAAGG	300
GCAATAATTC ATTTTGAAAG GGATAATTTT CAACGTAAGG CAAGTGTAAC CACACCATAA	360
AACTAAAACT GACTAGTTCG CAAGCATAGT AGAATATGCC TCGTGACTA GTCAGTTTGT	420
ATTTGATTAT AGCTAAAATA TCAAAGGTAA TCGATTTAAT CTTATTTTGA CGGCCTTTGT	480
TTAAGTAAGT TGTTATATAT TTCTTTGAGT TGTTGTTTAC TTATAGATGT CGTTTGTGGT	540
TCGTAATAAA TTTTGTTTTT TAGTTTATCA GGTAATATT GCTGTGAAAC ATAGCCATTA	600
ACATATTGGT GTGGATATTT GTAACCAATA GATCGGCCTA GATCTTTAGC ACCTTGATAA	660
TGTCCATCTT TTAAATGGTT TGGAATTTGG CCCACATGAC CGTTTCTAAT ATCGGACAAT	720
GCACTATCAA TGGCACTCAT TGCTGAATTT GACTTAGGTG ATAAGCATAG TTCGATTACT	780
GCTTGGCTTA GTGGAATCTT AGCTTCTGGT AAACCTAGAC GTTCTGCTGA TTCAATAGCA	840
GCAAGTGTTT TCTGACCAGC ATTAGGTGAG GCTAAGCCTA TATCCTCATA GCTAATTACA	900
AGTAATCGTC GAACTATTGT AGGTAAATCT CCAGCTTCAA TTAATCGTGC TAAATAATGT	960
AAAGCGGCAT TGACGTCGCT ACCACGGATA GATTTTGGGA AAGCGCTCAT AACATCGTAA	1020
TGCATGTCAC CATCCTTGTC ACTTACAAAT GCACCTTTTT GTAAACAGTC TTTAGCATCT	1080
TGCAATGTAA CATGTCGATA ACCGT	1105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 412:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 579 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 412:

5	TAACGTCGAA CTTGAGCTGT TACGTTATGA CTCATAATTA TTTTAGCATA GTCATTTAAA	60
	TAAACTTCTG TTCTGTCTGT TGGATAAGCA AATTCAAGCA ATTGACTGTA ACTATCATT	120
	ATGACTTCTT GATCAACATG ACTATCAAAA TATACAGCAT AATAATAAGT ACCATCAACC	180
10	ATATATAACA AATCTTCAAA CTCTGTAGTT ATTGGATTGC TATGATATGC ATAATTAATA	240
	ACATCTTCTA AATCGTTAAA TTTCACAATG ATTGTTCTTG TATTTTTACG TGCTGAAGAC	300
	TTTTGACGTT TAGAACCTTG AGCTTCTTTT TCTTTTGTTT GTTGCTCGAA TAATTCTTCT	360
15	AATTGATCTT CACCTTCTAA TGTTTGAGCT AACAATTCTT GAACTTGTTC ATCAAATKGA	420
	TCAGTTGCAT CATCATCAGA CATATTCATC ATATCTTCAT TTTTAGATTT AGAAATTGTG	480
	ACTTCGACAC CTTTTTCAAA GGCATGTACT TGAATCCATA ATGGACCTnC TACAACAAAA	540
20	TCTTCTACTT CGTTAATTTT ATCCATCATT GAnCAAAAG	579

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 413:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1342 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 413:

	GTGGTGAAAC TTCTTGCTTT GTAATTTTAT AAAGTGGATC AATATCACTC TGAATTACAT	60
35	CAGGTTGAAC TGTCATCTTT TTAGTTACTT TGTTTTCAAG CGTAATATTT GCTAATTCTA	120
	GGTTTTACAG AATAATGAAT GTCATCAGCT AmCCCTTTmm CcTGATACTy CTCTTGATAT	180
	TTCCAGCTT TAGCATTGA TAAATCAATC ACTACTCTTA AATCTTCTGG ATTTTCAATT	240
40	TTTATTATCT TTGATTGTGG TCCTGAAATA GTCACATTAA CTGTTTCAGG CGCTTTTGTT	300
	AAATGCAAAT CTTTAGTGTT ATAAAGAATT TCAACGGGTA CATCTTGAAT CGTTTTACTA	360
	GACTTTTGAC CAAGATTACC AGTGTTAAAG ATATTTCCAA AAACATTGTT AACAGATAAA	420
45	AAGAAAAACA ATGCCAAAAG AAAGGCAATA AATCTCAAGC CCCATTTACT TTCTAGCATA	480
	TTATTTCAACA CCTTTCTTTT GAAAGCGTGT GCCAAACCAA TGTTCAAGCA GCAACTCTTC	540
	AAAAATTTCTG TTTGAAATGT CTCGTCGTAA TTTTCCATCA AATGTTACCG AAATATCACC	600
50	AGTTTCTTCA GATACAATAA CGGTAAATGC ATCAGATACT TCTGAAATAC CAACCGCAGC	660



TGCTGCTGCT GCAATCTTCG TGCCTTGAAT AATCATTGCA CCATCATGTA AAGGTGTGTT 780  
 AGGTATAAAG ACATTAATTA AAAGTTCTTG CGAAATATTT GAATCCATTG CAATACCTGT 840  
 5 TTCAATATAA TCTTGAAGAC CTGTTTCTTT TTCAAAGACA ATTAATGCAC CTATACGTCT 900  
 TTTAGCCATA TATTGCACAG CCTTTGAAAC CGATTGAATC AATTTCTCTT CATCTTTACT 960  
 ATACGTATTA GAAGTATAGC GTTTTAAAAA GCTACCTCTA CCAAGTTGTT CTAACGCACG 1020  
 10 TCTAATTTCT GGTGGAATA TTACTATTAA AGCTAATACC CCCCATTGAA TAACGATATC 1080  
 GAATAATTTA GATGTTGCAG TCAAGTTCAA TATCATACTT ATCTGCTGAC CAATAACAAT 1140  
 15 TACTAATATC CCTTTAAGTA ATTGTATCGC TTTAGTTCCC TTAAAGACCG TGATGAGAAG 1200  
 ATAAAGTACA TACCAAACTA TCAGTAAATC AAGGATACTC GTTACAATTT TTAACGTACT 1260  
 GAGGTTTTGA AAAAAGTTGG AAAAATCCAT AACATCTCCT CCGGGTAATA TTTTTCATA 1320  
 20 ATACCCATTA TACCAATCAT TT 1342

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 414:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

25 (A) LENGTH: 1073 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 414:

30 CTGTATAAAG ATGGAGGTGT TTTGCATGGT AAAACGTACT TATCAACCAA ATAAACGTAA 60  
 ACATAGTAAA GTTCATGGTT TCAGAAAACG CATGAGCACA AAAATGGCC GTAAAGTTTT 120  
 35 AGCGCGCCGT CGTCGTAAAG GCCGTAAAGT TTTATCTGCA TAAGATCACT GACTCATCAG 180  
 TGATCTkTTT TTTCTTTTAA ATTAAGAATA AATAGAAATT TATGTTATAA GCTCAATAGA 240  
 40 AGTTTAAATA TAGCTTCaNa TAAAAACGAT AnATAAGCGA GTGATGTTAT TGGAAAAAGC 300  
 TTACCGAATT AAAAAGAATG CAGATTTTCA GAGAATATAT AAAAAGGTC ATTCTGTAGC 360  
 CAACAGACAA TTTGTTGTAT ACACTTGTA TAATAAGAA ATAGACCATT TTCGCTTAGG 420  
 45 TATTAGTGTT TCTAAAAAC TAGGTAATGC AGTGTTAAGA AACAAGATTA AnAGAGCAAT 480  
 ACGTGAAAT TTCAAAGTAC ATAAGTCGCA TATATTGGCC AAAGATATTA TTGTAATAGC 540  
 AAGACAGCCA GCTAAAGATA TGACGACTTT ACAAATACAG AATAGTCTTG AGCACGTACT 600  
 50 TAAAAATTGCC AAAGTTTTTA ATAAAnAGAT TAAGTAAGGn TAGGGTAGGG GAAGGAAAAC 660  
 ATTAACCACT CAACACATCC CGAAGTCTTA CCTCAGACAA ACGTAAGACT GACCTTAGGG 720

55

TTTAGATACA ATTACGAGTA TTTCAACACC AATGGGTGAA GGGGCAATTG GAATTGTTTCG 840  
 ATTGTCTGGA CCGCAAGCCG TTGAAATTGC TGACAAATTA TATAAAGGAA AACATCTTTT 900  
 5 AAATGATGTT CCATCACATA CGATTAATTA CGGTCATATT ATTGATCCAG tCTAAAGAAG 960  
 TGGTTGAAGA AGTTATGGTG TCTGTGtAA GAGCGCCAAR AACATTTACA CGCGArGATA 1020  
 10 TTATAGaGAT TAATTGTCAT GGTGGtATTk TAACGATTAA TAGAGTGCTG GGA 1073

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 415:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3176 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 415:

CTTTACCAAT GCCAAATCCG AAGTAAAGTA TAGCAATAAA GATTACTAAT ACAATTCTGT 60  
 AAATGGCAA TGAATTAGT TTGATTTTGT TAATTAGATG CAAGAATGTT TTGATTGCAA 120  
 25 TTAGTCCAAC AGTAAATGCA GCTAAAAAGC CTAAATATA AAAAGGTATA TCAGCAATCT 180  
 GAATATCTTG ATAATGTTTT AATAAGATA AACCCTAGC TGCTAACATA ATTGGAACAG 240  
 CCATAATAAA TGTAAGTCC GATGCTGCTT TATGATTTAA TTTCATTAAT ACCCCAGTTG 300  
 30 AAATTGTTGA GCCTGAACGG CTGAAACCAG GCCACATAGC TACTGCTTGA gAAATACCAA 360  
 TTACAAATGC TTGGAATAA CTGATTGAT CTA CTGTTTG TGGGTTTTTA ACTTTAGCTG 420  
 AGTATTTATC AGCAATAATC ATATAGATAG CACCTACGAA TAAGCCAATC ATAACAGTTG 480  
 35 GCACACTAAA TAAATGTTCT TCGATGAAAT CATCAAATAG TAAGCCTAAA ATACCTGCTG 540  
 GCACCATACC CACTAATACA TGTAATAAAT TTAAACGTCT TGGCTTTGAA CGTCTTTGTT 600  
 40 GATCGTTATC TCCTTCAACA TGTTGTGTT TACCAATATG TAAATCTCT AAGAAGCGTT 660  
 CGCGGAACAC CCATGCTGCT GCAAAGACGG ATCCTAATTG GATGACGATT TTAAATGTAA 720  
 ATGCTGACTG AGAACCTAAA AATTCAGATG ATTTTAACCA CATATCATCA ACTAGGATCA 780  
 45 TATGTCCAGT AGAGGAAACA GGTGCAAATT CTGTTAATCC TTCGACGACC CCTAAGATAA 840  
 TACCTTTTat TAATCAATG ATAAACATAA TGTACCCACT TTCATTACTC AATTTAATTT 900  
 ATTTAAATAT CAAAATTACC ATATCATGAT AGCATATTCA TTTAAAGACA TGCTAGTTAT 960  
 50 AGTTATAATA CTAGACTAAA GATGTATATA TTCATTTTCT TTTACATGTA AAACCTACAAT 1020  
 ATTTTATTGA GCTATTTAAT TTGATTTTAA GGAAAACCTT TTATAATAGG TTTAGGTGAT 1080

	TTCTTGGTCA GTACTGGTCT CGGCATAATC GTTATAACGC AAAATATTTT AATAGCAGAT	1200
	TTTTTAGCTA AAATTATAAG ACATCAATTT CAAGGTTTAT GGATTGTATT ATTTATTTTA	1260
5	TTAGGTGTTT TACTTTTAAG AGCAACTGTG CAATTCTAA ATCAATGGTT AGGTGATACA	1320
	TTAGCATTTA AAGTTAAGCA TATGCTTAGA CAGCGGGTTA TTTATAAAAA TAATGGTCAT	1380
	CCAATCGGTG AACAAATGAC TATACTCACA GAAAACATTG ATGGTCTAGC ACCTTTTTTAT	1440
10	AAGAGTTATT TGCCTCAAGT GTTCAAATCA ATGATGGTTC CGCTCATCAT AATCATTGCA	1500
	ATGTTTTTCA TCCATTTCAA TACCGCATTa ATTATGTTAA TAACTGCACC ATTTATTCCCT	1560
15	TTGTTTTATA TTATTTTCGG TTTGAAAACG CGAGATGAGT CAAAAGATCA AATGACTTAT	1620
	TTGAATCAAT TTAGTCAACG GTTTTTAAAT ATTGCTAAAG GTTTAGTGAC GTTAAAGCTA	1680
	TTTAATCGTA CAGAGCAAAC AGAGAAGCaT ATTTaCGACG ATAGTACTCa GTTTAGAACT	1740
20	TTAACAATGC GCATTTTaCG CAGTGCtTTT TTATCGGGAT TAATGCTCGA ATTTATAAGT	1800
	ATGTTAGGTA TTGGATTGGT TGCATTGGAA GCAACGCTAA GCTTAGTAGT ATTTCATAAT	1860
	ATTGATTTTA AAACGCGGC AATTGCGATT ATTTTAGCGC CTGAATTTTA TAATGCAATT	1920
25	AAGGACTTAG GGCAAGCGTT CCATACTGGA AAACAAAGTG AAGGTGCCAG TGACGTTGTG	1980
	TTTGAGTTTT TAGAACaACC GAACATAAT AATGAATTTT TATTAAAGTA TGAGGAAAAC	2040
	CAAAAGCCAT TTATTCAGTT AACAGACATA TCATTTCGAT ATGATGATTc TGATAGATTG	2100
30	GTATTAAATG ATTTAAATTT GGAAATATTT AAAGGTGATC AAATTGCACT TGTAGGTCCA	2160
	AGCGGGGCAG GTAAATCCAC TTTGACACAT CTTATTGCAG GTGTTTATCA GCCAACaATA	2220
	GGTACTATAA GTACAAACCA GCGTGATTTA AATATAGGAA TACTTAGTCA ACAGCCATAT	2280
35	ATTTTCAGTG CTTCTATAAA AGAGAATATT ACGATGTTTA AAGATATAGA AAATAATACT	2340
	ATTGAAGAAG TGCTAGACGA AGTAGGTTTA TTAGACAAAG TGCAATCTTT CACAAAAGGC	2400
40	ATTAACACAA TAATAGGTGA AGGAGGCGAA ATGTTATCTG GTGGACAGAT GAGACGCATA	2460
	GAACTTTGCC GTCTTTTAGT TATGAAGCCA GATCTCGTTA TATTTGATGA GCCTGCAACT	2520
	GGTTTAGATA TTCAAACAGA ACACATGATT CAGAACGTTT TGTTCaACA TTTTAAAGAT	2580
45	ACAACGATGA TTGTCATTGC ACATAGAGAT AATACAATTC GCCATTTACA ACGACGCTTG	2640
	TATATAGAAA ATGGAAGACT GATTGCTGAT GATCGCAATA TTTCAGTAAA TATAACAGAA	2700
	AATGGTGATG ACTTATGAAA ACACGACTAA AATTTCAAGT AGATAAGGAT TTATTGTTAG	2760
50	CTATAGTTGT TGGTGTtTGT GGAAGTTTAG TTGCGCTCGC CATGTTTTTC TTAAGTGGTT	2820
	ATATGGTGAC ACAAAGTGCA CTTGGTGCGC CACTATACGC TCTGATGATT TTAGTCGTTA	2880

55

ATAAAGCTAC ATTTACAATG CTACGTGATA TTCGGGTACA GTTTTTCGGT AAATTAGTAA 3000  
 ATGTCATTCC TAATGTTTAC CGTAAACTGA GTTCTAGTGA TTAAATTTC ACGTATGATTA 3060  
 5 GTCGTGTTGA GGCATTACAA AATATAKATT TACGTGTTTA TTATCCACCA GTCGTCATCG 3120  
 GTTTGACAGC GCTAGTTACA GTCATAGTTT TGGCGTTCAT TTCAATCGGC CATGCG 3176

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 416:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2109 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 416:

TCCTTATTTT AATTTCCAAT TGAATTTTTT TATTATTTAC GCATAGCTCT TAAAATTAAC 60  
 GTTACGATTG CAATTAAGAT AATTGAACCA ATTAATGCTG GCAAGATGTA AATACTTCCT 120  
 AATTCAGGAC CCCATTGTCC GAATAGTTTG CCACCTACCC ATGATCCAAT AATACCTGCG 180  
 25 ATAATATTGC CTAAAATACC ACCTGGGATA TCTTTACCCA TAATAGCACC AGCAGCCCAT 240  
 CCAATTAAGC CACCGACAAT TAACATTCCA ATAAATCCAA ACATAATTTT CAGTCTCCTT 300  
 TTTCTATTTA TTTTGCCTTA TTCTAAGTAG TACCCCTTAT TTACAATTCT AAAACAAATT 360  
 30 CAAATTATTT TTATCCAAAT ATTTTAAAA GTAGTAATTG AATATCAATT TTATTCAATG 420  
 TAGCTATCGT TATTTAAAGT CTCTGTACCG ATAATATCAT ATACATTTAC ATTATTTTTT 480  
 CTGCCGAATT CATAGCTTGA TTATTTTATG TTATAGGACT AGAATATACA CATATTATTA 540  
 35 GAGCATCTTT GAATTTTAAA TCAAGAAGCG AGGTTAATGA ACAATGAATA TGCATATTTT 600  
 ATATAACTTA CGAACTAAAC ATAATTTAGA AATTGACGAA TTAGCACAGC AATTAAATGA 660  
 GAAATATGGT ACTAAATATG AAGCACATCA AATTGGGAA TGGGAGAATC ATCACCATGA 720  
 40 ACCTAAATTT AAAGATGCCA TGCAATTTAGC TGACTTCTTT GATGCACCAT ATGAAATGTT 780  
 TTTAGAAAGT AAGGTTAAAG AATATCAGAA ACATTTAGAA GAAGTCGATA TTCGCATGGA 840  
 TAAATAGATG CAAATAAACC CTCACAACAC GTTTGGCATA TATCCTTTCA AATCTATACT 900  
 45 GGATATATTA CATTACGTTG TGAGGGTATT TTATTAAATTA ATATGAATTA AGACATTTTA 960  
 CAAGCGTTAA TGCAACGAAT CTTTTTAGTG ATCTTGCTCA CTCTTTAATA CTTTACCGTT 1020  
 50 CTTAGCATCA ACAGTAACTT CTTGTTTTTT ATTACCTTTT TTCAAATCGA TATTGTAAAC 1080  
 AAGTTTGCCA TCATCTTTTT CAAGTGACCA TTCTTTAATA TCACCATCAA ATTCTTTTTG 1140

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 30  
 35

ATTCATTGTA TCTTCTTTTT CAGTCTTTTT GTTAATCACT TTTTATTTTT TATCAGCAAC 1260  
 AAGTACTTCT GACTCTTCAC CAGATTTTTG TTGCGTCACT TTATAAGCCC ATTCACCATT 1320  
 AGAATTTTCA AATGAAATTC CTTTCAACTT TTGGCCTTTG TAAGTTTCTT CAGCTTTTTT 1380  
 CACAGCATCT TCTGGGCTTG TTTAACATC TTTTAAAGCA ATAACATCTT TTGTTGTATT 1440  
 AGTGTCTTGA TTAGTATTTG ACTCTGTTGA TTTTGTTC A TCTTTTGGAG TATCATTGCC 1500  
 ACATGCAGTA AGCACCACCG CTGACATTGA TAACACTGCT AATGATTTTA ATTTCATAAT 1560  
 ATCACTCTCT CTTCTATTTT TTGAACTCA TAACAAAAGC TTATATGCTA TATAGATTGT 1620  
 ATTACCCCTT GTTTTTAATT TTATTCATAA TTATTACAAA TATTTTAA TTAATCGTCA 1680  
 TCGGTACTT TCGTTCGTAC TCCTTTTATA AATGAACCAT GTAATATAAG CATGCTATTA 1740  
 TCGACTCAGT TTGTCTAATG CTTTCTTTGG TACTTCTTCC TTTTCAACTT CTTCAAAGT 1800  
 TTCTACATGA TGACCTTTAT GTGTAATTTT CAAGTATCTA TGCGGTTTAA CATCAAATGT 1860  
 AGCAGTATAC ATTAATTGCG TCTCTTTCCC TTCTTTATTA AAAACACTTT GACTATAACT 1920  
 TCGGAGTTGA TCATCCATTC TAGTAGACAC CTCTGTCGTT TTAACATAAG AATCATCCTT 1980  
 CTTTACTAAT GGGTTAAATT GATCTGTTAT ACCATGGGAG TCTATTGTTT TAAAAATGAA 2040  
 TAAAGCagCA TAAGCGCCAA TGATAGTAAG TACAAGATAE GtKATTGTTT TAAAATCGT 2100  
 TTCAAAGA 2109

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 417:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 813 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 417:

40  
 45  
 50  
 55

GTTACATAAA TGAAAACAAA AAAGATAATT TTAGTGCTTA TGCTACACCA GAACATAATT 60  
 ATCAATTTGG TGGTGCTATG ATAGAAAGTG AAAAATTAAG CGAGTTACTA AAGCCAGCCA 120  
 ATCAGTTAAA ATCACCAGAT GATATAAAAA AAGAACTAAA TAAAAAGAAG AGTCACTAAA 180  
 GTTAGGAGTT ACTTTAATGT CCAAAAAACA TGTTTTTATA ATTATTGGTG TCATATTGTG 240  
 TATATGTACA GTTCTACGG TCATGCATTT TAAATGAAA TATGATGAAA AAGAAAAACA 300  
 AAAAGCGATT TACTACAAAG AACACAAGA ACGTATTACA CTCTATCTTA AGCATAATAC 360  
 TAAAGAAACG AACACGATTA AATCTGTACA TTTCACAAAC TTGGAAACAA GTCCTATGGG 420

ATCGCCTGAA CATAATTATC AATTGGTGG CGCTATGATA AAAAGTGAAG GAGTAGATAA 540  
 ATTATTAAAA CCAGCACATG AAAGAAAATC ACCAGAAAAA ATCAAAGAAG AATTAGATAA 600  
 5 AAAAGAAGGC CACTAGGGTC TTCITTTATTT TTGATTTAAT CTTCCAATAA TCTATGTCAT 660  
 TGCTATCGAA GGTGTTTCGC AATTAATATA AATCACTTCA TCATCACCAA TACTTCCCCA 720  
 GTTTTGTACA GTACATTAAC ACAACGAAC CACGTTAATT TAAATGGAWT AaTAGTTTGG 780  
 10 CCATTATAAG AACAATATAT ATCGANTAAC AAT 813

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 418:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 640 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 418:

AAAAGCAATC GTTGGTGGTG CTAAATTCAT CGGCAACTCA TATGTAAAAG CTGGTCAAAA 60  
 25 TACACTTTAC AAAATGAGAT GGAATCCTGC ACATCCAGGA ACACACCAAT ATGCTACAGA 120  
 TGTAGATTGG GCTAACATCA ATGCTAAAAT CATCAAAGGC TACTATGATA AAATTGGCGA 180  
 AGTCGGCAAA TACTTCGACA TCCCACAATA TAAATAAGCA ACATGAACAT AGGATCAAAA 240  
 30 GTCATCCCCC ACTATCAATC ATGGGGGATG ACCTTTGATC CCTTTTTTAT ACATACACAA 300  
 GCAAAAATAG CGGTGATTGT TTACCATCAA TTTTAACAAT CACCGCTACT TTTGCTTGTA 360  
 ATTCATGATT CAATTTTTGT TGTGTGCACA ACGACACTAA ATTATGTGTT TGCTATTGTC 420  
 35 GTGTTACAAC GATATGCGTC GTTGATTTAA CTTATCAAGT AATTGATTTA AATTGTCTAA 480  
 TTCGACTTCC GATAAACATT GACATCTTGC TTCAATCAAT TCGCAACGTG CATTATTTAT 540  
 40 TTGTGAAATT AATGTACGTG CTTGATCAGT CAAAATTAAT TCTTTACATC TTAAATCTTC 600  
 GCTAGATTGT TGACTTGTGA TGTACCCnnt CAAAATAAT 640

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 419:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1159 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 419:

TTCTTGGATA CGTAATAAAT TACCTTTTGT CATAGGATTA AACATAGATC CAGGTAAAAC 120  
 ATAAACATTT CTATTTTGCT CTAATGCAAA ATCTATCGTG ATGTGACTGC CACTTTGTTC 180  
 5 CTTAGCCTCA GTAATTAAAA CCCCTTTTGA CAAACCGCTG ATAATTCTAT TGCCTCAGG 240  
 AAATCTATAT TTAGCGATTG GTGTATGTGG TGGATATTCA GATATAACTA AACCTTTTTC 300  
 TTCTATTTTA TTCTTAATG CTAATGTACT TTTGGGATAA TGTGTTTGAT GGCCAAAGGC 360  
 10 TAAAACTGCA ATTGTAGGGA GATTGTATTT TAAAGCTATT TGATGTGCCA TTGCATCAGC 420  
 TCCTTGAGCA AGGCCGGAAG CAATTGTAA ATATTGCTT TTATCATTTG ATAATAAAAA 480  
 TTCTAAAGAC TGTGGGTAT AACTGTAGA ATCTCTGCA CCTACTACTG CCAAATGATG 540  
 15 CATATTATTT ATTAATTTGA TGTCCCTTT ATAGAAAAGA AGTAATGGAA ATTGATATAT 600  
 TTCTTTTAAT AGCACTGGGT ATTCAGAATC CATATATGTA ATGTAACCTA CTTTAAATTT 660  
 20 CTGCAGTTCT TTAATAATAT CGTTATGATC AAGTTTATA AAAGCATAGT ATTTACGTAA 720  
 TAAATGAACA TTTTCTTCCC TATTCACCCA TTCACATAAA TAACTATCTT TTTTCTTCC 780  
 CTCCTCTTTA ATTACATTAG GATATGCCAT TAAAATTGA TGAATTTGTT TAGTCGAAAA 840  
 25 GTGTGCCCAG TATAACTTAA GCAAAAATAG TTTAATCAAT AAATCAACTC CTTTTGTAA 900  
 TCATACAAAA TCATATTCTA TTTTGTGTTT ACATTCTAA TACAAAAACA TTGTCGATGT 960  
 AATGTTATTT TAAGGAGTAA AAATACTGAC TAAAAAGTG AAAAGTATGT TGGAAAGAAT 1020  
 30 TTAAATTTT AATTTCCAAC ATACTTTATA ATTAAACCTT ATAAATAAGT TTTGCAAATT 1080  
 TATATAGAAT TGGTCTTACT GGTGTGATGA AATCACCAT TAATTCTTCA ACATGTGCAT 1140  
 TAAAACCCTT TTAAATTG 1159

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 420:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1879 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 420:

TCAATCAGCG ACTACAAGAA GTGCGGGTCT TCAAACAATT GATGTGACAA CACTAAGTGA 60  
 CCCCACTAAT ATTATCATGG GTATTTAAT GTTTATAGGA TCTTCGCCAA GTTCGGTTGG 120  
 50 TGGCGGTATT CGTACAACAA CTTTCGCTAT TTTAATTTT TTTTAAATTA ACTTTAGTAA 180  
 TAATGCCGAT AAAACATCCA TTAAAGTTTA CAATAGAGAA GTACACATTA TGGATATTCA 240

ATCAGCTACT GAAAATGGTA AGCTTACATT TTTACAAGTA TTTTTGAAG TCATGTCTGC 360  
 ATTTGGAAGT TGTGGACTAT CGCTGGTGT CACAAGTGAT ATTAGTGATA TTTCTAAGGT 420  
 5 CGTACTAATG ATACTCATGT TTATAGGACG TGTTGGCTTA ATATCATTTA TCATTATGAT 480  
 AGCAGGACGT CGAGAACCAG ATAAATTCCA TTATCCAAAA GAACGTATTC AAATAGGATA 540  
 ATATAATAGC AATCTAAGTT TAGTTAATGT AGATTTTAAC TGGAACCTAG ATTGCTTTTT 600  
 10 TAGTTTGTAT TTTTAACCTA TTTTATAAGA CGATTGGTTT CGAAAATGGT AAAC TAGTAA 660  
 CAATGAGAGG TGTAACATGA TGGAAAAAAA TGAAACATT AATGTAGAGA TTTTAACCTAC 720  
 GTCAGATATG CATAGTCATT TCCTAAATGG TGATTATGGT TCAAATATTT ATAGAGCTGG 780  
 15 TACTTATGTT AACCAAGTAA GAGCACAAAA TCATCGCGTC ATTTTATTAG ATAGTGGCGG 840  
 AAGTTTAGCT GGCTCGTTAG CGGCCTATTA TTATGCTATT GTTGCACTT ATAAACGACA 900  
 20 TCCAATGATA AAGTTAATGA ACAGAATGCA TTATGATGCT AGCGGTGTGA GTCCAAGTGA 960  
 ATTCAAGTTT GGTTCATCAT TTTTAACCTG TTCAATTGCT TTGGCACGTT TTCCATGGTT 1020  
 ATCAGCAAAT ATTGAATACA ATGTTACTAA GGAGCCTTAT TTTTCAACTC CATATTGTAT 1080  
 25 TAAACATTTT GGTGACTTAA AAATTGCTAT CGTAGGCGTC ACAGCAGATG GTTTAATGGA 1140  
 AAATGAGTAT TCTGAAATGG AGCAAGATGT ATCTATTGAA AAGACATTAG TGGCATCAAA 1200  
 ACGTTGGATT AGATATATCC ATGAAGTTGA AGAGCCAGAT TTTTGTATTG TAATTTATCA 1260  
 30 TGGTGGATTG AATAAAATTA GTAATAGTAC GAAAAATAAA AAGGCAAGTT CGAATGAAGC 1320  
 TGAAAAATTA ATGGAAGAAC TCGGTGTTAT AGATTTAATG ATTACAGCTC ATCAGCATCA 1380  
 AACAAATAGTA GGTCAAGATC ATGAAACGTA TTATGTTTCAAG GCTGGTCAAG ATGCCAAAGA 1440  
 35 GCTTGATCAT CTTTCGATTA ATTTTAAAAA GAGAACAACA ACTTATGATG TTGAAAGCAT 1500  
 TGATTCTAAA GTGATTGACT TAAATGAGTA TGAAGAGGAT CAAGAATTAT TAGATTTAAC 1560  
 ATTCTATGAT AGAAAAGCAG TGGCTTATTG GTCACAGGAA ATCATAAGTG ATAAAGGTTT 1620  
 40 GATGTTATCA GTAAATGGGT TACAAGATTT AGTCTGTCAA ACACATCCAT TTTCGCAATT 1680  
 ATTACATGAT GCAATTCACC TTGCATTGTA TAATGATATA ACATGTGTCC ACGTGCCTAT 1740  
 45 GaACGGAGAG AAGGGGTGTA GTGGACAGAT TCGAAATGAA GrTTTGTATC aTGCATACCC 1800  
 ATaTCCAGAT aAGCCaTGGG tATGACAATT aGTGGTCAA ATaTCAAGGT ATnTTGGGGT 1860  
 ATAGTTATTC ACCATTAGG 1879

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 421:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2710 base pairs



(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 421:

5	AAATCCCCCT TTTTCCCCAT CCATTTTnCC ATCCACTGGT CCTTACGGGA CCATATTATT	60
10	TnAAATTGGA nAAAATTATt TTAAAGaTTA TwACTACTCT TtAATCATTT TrGTGAATTA	120
	AAAAAAGTAG TGCAAAAAGC AAAATATACT TTATACACTA CAAATCATTT ATTTATAATA	180
	AAGTTTCACC AAAAAATGTT CCAACTAATG AAACCGCTTG TTCAGCAGTA TGATTATTAC	240
15	TGTCAATCAA TGGATTTACT TCAACTAAAT CCATTGAGGA AATTAAATGT GATTGATGCA	300
	GTAATTCCAA TGCAAAATGG CTTTCTCTAT AACTAAGACC ACCCAAACT CTAGTACCAG	360
	TGCGTGGCGT TTCAAGCGGA TCTAAAGCAT CAACATCTAA AGATAAATGA ACGCCATCAA	420
20	CATTGCGTGA CTTCAAATAT TCTATTGTAT TTTCAATTAC TTCCTTTATC CCCAATTTAT	480
	CAATATCTGA CATAGTAAAT GTTTAATAT TATGATCTTT GATAAATTGT CTTTCACCTT	540
	TATCTAAATC TCTCATACCA ATTAGTACGA TGnTTTCTGG CTTGATTACA TTACnATTTA	600
25	ATTCTAAAAG TTCTTTGGGA CCTTCGCCTG TCAAAATCCT TAGAGGCATA CCATGAATAT	660
	TTCCACTTGG TGACTCTTCA GGTATATTTA AATCACCATG TGCATCATAC CAAATAACAC	720
	CTAAATTATT ATAATGTTTA CTTATTGCTG ATACTGAACC TACCGAATA GAATGATCTC	780
30	CACCAAGAAC TAGAGGAAAT CTGTTATTTT CAATTGATGC TGAAACCTCT TTATTTAATT	840
	TTTGATTAAC ATCTATAATT TCATCATAAT TTCTTAATCC TTTTGTTCAT CTATGAAATT	900
	TTTCAATGTT CACAGCAGGt ACCTTAATAT CCCCCTTGTC ATATACATCA AGGTCTAATT	960
35	GCTTTAATCT TGAAATTAAT CCAGCATATC TAATTGCTGT TGGTCCTAAA TCAACACCTA	1020
	ATTTTCTTTG TCCAAATGTT GATGGTGCAC CTATAATATC AATTGCTTTT GTCTTTGTCA	1080
40	TAAGCGTCCC CCTTTGCTCT ATGTAATTAA AGAATAATGT ATGCGCTTAC CATTATCAAG	1140
	CAATAGCTAC ACATATAATC TGTTTATCTT ATTACTTCAT AAAAAAGGT TCTTCATCTT	1200
	TTATGGTGGG AAGGTAAAAC TTCCTGCTTT TTTAATACA CAAAAGCGC AATTGCCTCT	1260
45	ATAATTTAAA GTGACCAAAC CCAAATAAA GGAGACAAGT GCGCCTATGT GTAATGATAC	1320
	CTTAGAATTA CTAAGAATAA AAGATGAAAA TATAAAATAT ATAAACCAAG AAATTGACGT	1380
	CATTATCAAA GGAAAAAAG CAACAGTGGT TAATGCTGTA CTAACGTATA AGCCTTCGGC	1440
50	CTGTTATTGT TGTGGAGTTA AAAATGAAGG ACAAATTCAT AAACATGGTA AGCGTGTTTC	1500
	TCGTATTACT TTACTTAAAA CTCAAGGGTA TAACACATAC CTCAACTTAG CTAAACAACG	1560

55

	GTGTTTTATC TCAAGATGTG TTA CTCAAAA AGTTATAGAA GAAGCTACTA AAGTTAAAAAC	1680
	AGAGATTGAT ACTGCAGAAG ATA ACTGTAT CTCTCCATCT ACTGTAAGTC GTATTAGAAC	1740
5	TAAAGCGGCT AATTCATTAC GAATTAAACC CTTAATTGT TTGCCAGAAC ACATCGCTAT	1800
	GGATGAATTT AAAAGCGTTA AAAATGTAAC TGGATCAATG AGTTTCATTT TTATAGATAA	1860
	TGATACTCAT GATGTTATAG ATATTTTAGA AAATAGAACT ACAAGATTCT TCGTGCCTA	1920
10	TTTCGAGCGA TTCGATTAA AAAATCGACA ACAAGTTAAG ACGGTTACTA TTGACATGTA	1980
	TGAACCCTAT GTCCGATTAT TTCGCGACCT ATTCCTAAT GCAGCTATTA TTTTGTACAG	2040
	ATTCCATATC GTTCAACATT TAAATAGAGA ACTTAATAAG TATCGTGTAC AAGTTATGAA	2100
15	TGAATACCGT AATAAAAAAG GACCTGATTA TACAATTTT AAGAATAACT GGAAAGTCCT	2160
	ATTGATGGAT ACTAGTAAAA CCATATTTAG TAAATACAGA TGGAATAAAT CTTTTAAGGC	2220
20	TTATAACGC TCATCTGACA TTGTAGAATT CATGCTTTCA AAAGACGATA TACTACGACA	2280
	CTCCTACGAA CTTGTCCAAG GATTACGAAA AGACCTAAGG TTATGTAATT GGCCTAAATT	2340
	TATTAATCGT TTAAATTCAG TTAGTAAAAA GTCTGTGAGT AAGGGTGTAT GGAAAGTGGT	2400
25	TAAATATTAT AGAAAACATC AAAGGATGTT AAGAAATACA ATTTATTACC CAGCATTTAA	2460
	TAATGGTGCT ATAGAAGGAA TTAATAATAA GATAAAATTA ATCAAGTGAA TTTCTTTTGG	2520
	TTACAGAAAT TTCAACAACT TTAAAGCAGC TATAATGATG aTTTTCAGCT TGTACAAAGG	2580
30	AGaAAAAAAG AAGACAACCA AGCCCAATAA TGGACTGGCC GCCTAATAwA nGGGskCTAA	2640
	AAGTTgTATT TTTAAAAATA GTTCCTTTAA ATTATATACC CnCCACATTT GGGGGAGGAC	2700
	CTAAAAAAGC	2710

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 422:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1027 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 422:

45	CATTTTAATT GtTaAAATTC CAAAAAatGT ArGTGGATTw AAAGrAAACC CtGTGTTTTT	60
	AAAAGGtACC ATTaAAATAg TTCCGATTGT ACCATCCAC GTGAAAtTTT TAgTAtTGCC	120
	GGTGaGAGAA AATGCCAATG CAATCATCGC AGTTCATAAT CATCCATCCG GTGATGTAAC	180
50	GCCCTCACA GAAGATATCA TAACAACAAT GAGGTGAAG GAGTGTGGT TGATTTTAGG	240

GGGTTACTTT GATGAAAATG ATTGAAGTTG ATAGAATTAA TGACGTATCT TGTGTATAAT 360  
 ACCTACGAAG TACTTTCATT GGAGGAAAAA TAGTGACTCT ATTTATTATT ATCGGGGTTC 420  
 5 TCGTGCCAAT GGTTTATACC ATGCAGTTAA ATATTAAAAA TGAACCTGTa ACAAAGCGCA 480  
 ATCTTTTAAT AACATTAGCT TTATCTACGT TAGGTATTTT AGTAACCGCG TTAGCAGGTG 540  
 TAATCGTTAC GAAACAAGCT TTTCCTTTAT TAAGTGTAGC AATTGGCTCA ATTTTACTG 600  
 10 GAATCGTTTG GGGCCTTTTA CTAAGTGGTA GcTACGCGCT GATACGATTT TTATCTAACG 660  
 CATTTGGGCG TAAGTAATAG TAATCTGTTC ATCAAGTAGT ATCCGTGCTT GAAAACAAAC 720  
 TAAACTCCT AATGTGGAAC TAGTTAAAAA ATTCTAAACT AGTACATTAG GAGTTTGTG 780  
 15 ATGCAGAATA AATTTAATTG TTAAATTGAA AGTGCGGTAA AAATCCACTA TTTATTGAA 840  
 AAAATCGAG CAACCAAATT AAACCTTGAT ATCCTAAGTA AATACATAAT AAAACAAGTC 900  
 CGACATAAAT TAAAAATCGC AAAATAGAAA GTCCAACCTCT AAAAAGGAGG ATGACTAATA 960  
 20 GTGCTATTAA AATAATTGTt AGTATACTCA ATGCTACAAA CCTCCTArTA CGCTTTTAAA 1020  
 TCCATAA 1027

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 423:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 569 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 423:

CGGCACATTT TTAATTTATA CATATTTTAA AACTAAGTAA CAGTTTGAAG AAATCGTAGT 60  
 TCAATAATGT TAATTGTGAA AATGTATATA AACATAAAAA AATCATGTAT AATATATGTT 120  
 GTTAATTAAA CAGTTCGAAA GCGAGATGAC ATTATGGGAC GTAAATGGAA TAACATTAAA 180  
 40 GAAAAAAGG CCCAAAAAGA TAAAAACACA AGTAGAATAT ATGCGAAATT TGGTAAGGAG 240  
 ATTTATGTTG CAGCAAAATC TGGTGAACCC AATCCAGAAT CTAACCAAGC TTTAAGGTTG 300  
 GTGCTTGAAC GCGCTAAGAC ATATTCAGTG CCGAATCATA TTATTGAAAA AGCAATAGAT 360  
 45 AAAGCTAAGG GTGCTGGAGA CGAAAACTTT GATCACCTAA GATATGAAGG ATTTGGCCCA 420  
 AGCGGATCAA TGCTAATTGT TGATGCGTTA ACAAATAATG TAAATCGTAC TGCCTCTGAT 480  
 GTGCGAGCTG CTTTGTGTA AAACGGCGGT AATATGGGTG TATCTGGATC AGTTGCTTAT 540  
 50 ATGTTGTCAT GTGGCCACAT TTGGTATTG 569

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3264 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 424:

10	TGGACCTATA AAATGGATGC ATCCAAATAT GGATGnGGGG TanGGCGGGa AAATAGGaGG	60
	TTATATAGTA AGTCATTAA GTCGAATAGC CATCCTTTTT AAAATGAAAA AAATAGAAAG	120
	CTCAATAGTT TGTAAAGCC TTTAAATAGC GTCGTTACGC AATTTTAGAA TGCTAAAAAT	180
15	TGTCACAAAT TTCAAATTAC GTGCTAAAGC TTGAGATATC AATATTTATT GGCGATAGAG	240
	TGTAATTTGA CTCCGCTTAC ATCTCAGTTT TATGTTTGTA ATTTGGTAGC ATAATATTAT	300
	AATAAAATAA AATTGTTAAT CTTTAATTTT AGTATAGATA TTTTACGTG TAGTCACGTG	360
20	TAAAATAAAT TCAATTAGGT TAGGAGACAT AATTATGAAA ACATTTGGTA AAAAGGTTGT	420
	ATTAATCGGA GATGGATCTG TAGGATCAAG CTATGCCTTT GCAATGGTTA CGCAAGGTGT	480
	TGCTGATGAA TTTGTAATTA TTGACATTGC AAAAGACAAA GTAAAAGCAG ATGTTCAAGA	540
25	TTTAAACCAT GGTACAGTCC ACAGTCCTTC ACCAGTTGAT GTGAAAGCAG GTGAATACGA	600
	aGaCTGTAAA GATGCAGATT TAGTTGTTAT TACAGCTGGT GCACCTCAAA AGCCAGGTGA	660
	AACACGTTTA CAATTAGTTG AAAAAAATAC TAAGATTATG AAGAGCATCG TTAAGAGTGT	720
30	TATGGATAGT GGCTTTGATG GATATTCTT AATCGCGGCA AACCCTGTAG ACATTTTAAC	780
	AAGATTTGTA AAAGAATATA CTGGATTACC AGCAGAGCGT GTTATCGGTT CAGGTACTGT	840
35	ATTGGACAGT GCACGTTTAC AATATTTAAT TAGCCAAGAA CTTGGTGTTG CACCTTCAAG	900
	TGTTGACGCT AGTATTATTG GCGAGCATGG TGATACTGAA CTTGCAGTTT GGTCACAAGC	960
	AAATGTAGCA GGTATTTTCA TATATGACAC ATTAAAAGAA CAACTGGTA GCGAAGcTAA	1020
40	AGCGGAAGAA ATTTATGTGA ATACACGTGA CGCTGCTTAT GAAATTATCC AAGCTAAAGG	1080
	GTCAACATAC TATGGTATTG CATTAGCATT GATGCGCATT TCAAAGCCA TTTTAAATAA	1140
	TGAAAATAAT GTCTTAAATG TTTCTATACA ATTAGATGGT CAATATGGTG GTCACAAAGG	1200
45	CGTTTACCTA GGTGTACCAA CATTAGTTAA CCAACATGGC GCAGTTAAAA TTTATGAAAT	1260
	GCCATTAAGT GCCGAAGAAC AAGCGTTGTT CGATAAATCT GTTAAACAT TAGAAGATAC	1320
	ATTTGATTCA ATTAAATATT TATTAGAAGA CTAAGCCTAT TTTAAGTATT AATTAGAAAT	1380
50	ATATTAATGG TAAGAGGATC TATTAGTGT GCAGTAACAC GTGGCACTGA TAGGTCCATT	1440

	TATGACTCGT GAAAATTTAG TGACATGAAT AAAAATGTTG AGGCGTCATT GAGTATAAAG	1560
	GAAAGTAGTT CTGCATTAAAT CACGAaGTAG AGCATGACma CGAGGAATAA CTATAGGGaG	1620
5	ATGGTTTTGG AATGACGatG TCTTGTATCA ACATGGTACA TTAGGTACGT TAATGGCTGG	1680
	CTTACTAGAA GGCACAGCTA CAATTAATGA ATTGTTAGAA CATGGGAATT TAGGGATTGC	1740
	AACGTTAACA GGGTCTGATG GCGAAtAATA TTTTtagACG GAAAGGCATA TCATGCTAAC	1800
10	GAGCATAAAG AATTTATAGA ATTAaAAGGC GATGAGAAAG TACCGTATGC ATCGATTACT	1860
	AATTTTAAAG CGAGTAAGAC ATTTCCATTG CAACAATTAT CACAAGATGA TGTATTTGCA	1920
15	CAAATTAAAA ATGAAATGTT AAGTGAGAAT TTATTTTCGG CTGTTAAaAT TTATGGCACA	1980
	TTTAAACATA TGCATGTACG AATGATGCCT GCTCAGCAAC CGCCATATAC ACGTTTGATT	2040
	GATTcAGCAC GCAGACAACC TGAGGAAAAA AGACAAGATA TTCGTGGTGC CATTGTTGGA	2100
20	TTTTTTACAC CAGAATTATT TCATGGCGTA GGGTCTGCTG GTTTTCATAT ACATTTTGCG	2160
	GATGATGAAA GAGCTTATGG TGGACATGTT CTTGACTTTG AAGTGGATGA CGTTGTCGTT	2220
	GAGATACAAA ACTTTGAAAC ATTCCAACAA CATTTCcCGG TAAATAACGA GACGTTTGTT	2280
25	AAAGCGAAAA TAGACTATAA AGATGTGGCA GAAGAAATTA GAGAAGCTGA ATAGTCTAAT	2340
	ATAATTAAAA GACCTTAGCG ATATTAGGAA CAGGTGGTTC TAAATGCATC GTTAAGGTCT	2400
	TTTTATATTA TATATGTGCT TACATATTTT GTTGATACGC GCGTAAAAAG CTATAAATAG	2460
30	TATCAAGATA TGGGGTGTCA AGAATGTGTT CACGTGCACG TCGATAAATA AAGCCTTGAA	2520
	TCGCTTCGAC TTCAAGAGGT TGCTGATGCG CAATGTGCTA ATACATGCTC GTTCCCATTT	2580
	CGTCGGGATA ACCTTGATAT ATAGTCATAA TAGTATCGAC AGTTTGTTCT GAAAAGTTTA	2640
35	ACCCCTCTGC CTGTGCAACA CGACAACCAT CTAGTAATAG CTGTCTACAC AGTGTAAGTA	2700
	TTTCAGGATT ATGCATGATT GCAACGGTCT GTCTACCGAG TGCTGTGATA GAATTAATGC	2760
	CCAAGTTAAC TAACAATTTA TACCaaATAG CTTGTTGAAT ATTGCTTCT AATACAATGT	2820
40	CGATTTGACT GTCTTGACC AAATCTCTAA ATTGTGAGT TAATGCATTA TCTTGATAC	2880
	GTAATTGATA ATCTCTGAAG TGCGTAACAA CATCGCCTTT CTTTgACCA CTTATATAGA	2940
45	CAACTGCTTG GCATACGTTT TTAAATGAAA TATGTTGAG TTGACCATAA CCATTTTGGG	3000
	CTAAaATGAT GAGCGTGTCC TCATGTGCAA GATGAGTTAA ATGAGGAATA ACTGCATCAA	3060
	GTTGATGTGT TTTGACTGCA ATAATAATAA CATCAAATGT GTTTGTGACA TCTTCATAAC	3120
50	CTTTCACAAC AATATCTTGT GCAGGTGCAT GTGGTACAGT ATAATATGTT ATTGTTTTGG	3180
	CGTGTCTCCC GATAAGCGTT GTATGAGGCA ATGATTGTTG TAATTCATAG GCAATAGTTG	3240

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 425:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 425:

```

5      AGAACGAACC TTTAATACGT ACGTGTGAC CACGAACTGT CATGACAAAT TGATAAAACG      60
      AATAGTTTTT CATTAGTTCA TTGTCACATC AATCACTTTT GTKTCACCTT TAATCACAGC      120
15     ATTTTCATCA TAAATATTAA TTGAAGCTGC TTGATCAGTG TTAGTAATTA TAATTGGTGA      180
      AATTACAGAT TTAGCGTTAT TATTAATATA TTCAAGGTTG AATCTTACTA ATGGATCTCC      240
      GACGTTAACT TCGTCACCAC TAGACACTAA CACTTCAAAT CCTTCACCGT CTAATTGAAC      300
20     TGTGTCATAA CCGATATGAA CTAATAATTC TAATCCGTTA TCTGCTTTTA ACCCAATCGC      360
      ATGCTTAGTT GGAAAGACAT TGTCAACACG TCCTGCAATT GGAGACACAA CTTCCTCTTC      420
      AGTTGGATTA ATACCAAAC CTTGCGCCAT CATTMTTGT GCGAATACAG GATCTGGAAT      480
25     ATCTTCAATT TTCACGAATT CTCCAGTTAA TGGTGATAA ATTGCGATAT CTTTCTGAAC      540
      TTCTTGCCT TTTCGAATA ATTTTATAA CATACTTCC ACTCCTACTT ATCAAAATGT      600
      GATATTAAAT CGCCATAACC CAATCTTCT AACTTTTCAT ATGGAATAAA TTGAATTGCA      660
30     GCGGAATTGA TACAGTATCT TAAGCCGCCA CTTTCTTAG GTCCATCATT AAAGACATGT      720
      CCTAAATGAC TATTGATTC TTCTGAACGC ACTTCAGTTC TCAACATACC AAATGATTG      780
35     TCGACTAATT CTATAA      796

```

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 426:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3393 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 426:

```

45     ATCCAGCAAA TCTTTCTTAT CACGTTCTGT AATTTTCTTA GTATCCATCT TGATTAGCTT      60
      TGATAACTTT TCAGCCGTAT CCAACATTTC CGATTGTGTT GTTTTTCGAC CCCTAGTATA      120
50     TGTAATAGCC ATTTTAGAAG CATTATCAAC TAAAACTTTC CCATTTCTGT CTAAAATACG      180

```

	ATGTGAGCCT TGTGCGATTT GTAAATAACC TAAACGTAGT ACTAGTACTG CAAAAATAAA	300
	TACAATCACA CCAAATATAA AGTTAATTCT CTTGTTAATT GTATTTTGAA CGATTTTCATC	360
5	ATTGTATTTT TCTTTTAGTC TTTTAAACAA AACTACCTAC CTCTATTCAA AGTCTTTTAC	420
	TTTAAATCAT ATATGAATTT AGAAATTATT TCTATCTTTT TGACAAAAAA ATAACGGTCT	480
	CATTLAAGAG ACCGAACAAG TAATCATACT TTATTTTGTT GCATTATATA ATTGTCAC	540
10	TTTTTCCCAG TTAACATCAT TCCAAAATGC GCCAATGTAG TCAGGGCGTT TGTTTTGATA	600
	TTTTAGGTAA TAAGCGTGTT CCCATACGTC TAAACCTAAA ATAGGTGTTT TACCCTCAGT	660
	TAATGGATTA TCTTGGTTTG GTGTAGTCAC AATTCTAAC TGGCCATTGT TTACGACTAA	720
15	CCAAGCCCAA CCTGAACCAA AGCGTGCAGC TGCTTTGTCA GCAAATTCTT TTTAAATTC	780
	TTCTAAAGAA CCCCATGTGT CTTTAATTTT TTCTACTACA GTACCTTTTT CTCTGAGTT	840
	TGGTGAAAGT AACTCCCAGA ATAATGAATG GTTTAAATGT CCACCGCCAT TATTACGTAC	900
20	AGCAGTTTGG ATGTTAGCTG GTACACTGTC TAAATTAGCA ACAATTTCTT CAATAGATTT	960
	AGATTCTAAA TCTGTACCTT CTACTGCAGC ATTTAATTTT GTAACATACG TGTATGATG	1020
25	TCTGTCATGG TGAATTTCCA TAGTTTCTTT GTCAAAATGT GGTCTAATG CATCAAATGC	1080
	GTATGGTAAT TTTGGTAATT CAAAAGCCAT AAATAATCAT CCTCCTAAAA TGTCTGTAAG	1140
	TAAATAATAA CAAGCAGTGA CTGGTTCAAC AAAGAATTTG CTTAAATTCT ACTACTTATT	1200
30	ATTTTCTCTA CTCATTTAAT ATAACCTCAA TCAAAAATAA TTAAACATTT TGTATATAAA	1260
	AAGTTAACAG ATTTGCCATA AAATCATACG AACGGAGTAT GAAATGAACC TTTATCTTCT	1320
	ATAATTTAAA AAATGAGATT TATGCATACA TCGGACCAAA TGTGCATAAA TCTCATTTCT	1380
35	TTATATTAAT CTGGCAGA CTCACATACA CCATAAATCT CAAGTTTGTG TTTGTGAATA	1440
	TTAACACCAG GTAGTGATAA TTTTATCTGA TCTATTGGAC AATAATCTAT TACCTTTGTA	1500
	TCTCCACACT TTTACAGAT AAAATGATGA TGATGATGGT TTGTACAAGC GATTCTAAC	1560
40	TTCAATTCAC CATCAAGTTC TGTATTTTCA ATAATTCCTA AATCTTTAAA TAAGTGCAGG	1620
	TTTCTATATA TTGTGTCGAA TGAAATTTCA GGATAATTTT CATCCATAAC TTGTGTGATA	1680
	TACTTTGCGT TTATATACTT ATCTTCTTCG ACAAAAATAT CTAACATATC TTACGTTTA	1740
45	TCTGTATATT TTAAACCGTT CTCTTTTAAA ATTTTAATAG CATCATTTGT ATTCATTGAT	1800
	ATTAGCTCCC TTTTAAACT TCATTGCGAT TTTCTGATAA GCCATTGTAA TCATAAGTAA	1860
	AATAACAAGT AGAACTACAA TTACACCACC CGGAGAAATG TCCATATAGA AAGCTAGGAC	1920
50	TAAGCCTAAT ATTACTGATA ATTCACCTAA AAATACACTT AGTAATATCA ATTGCTTAAA	1980

55

TATCCCTACA ACACGCATTG AGGCAGAAAT AACCATCGCT ACAATAACAA TAAATAAAAA 2100  
 TTGAATCCAT TTAGGAATGC CAATGACTTT ACTATATTCC TCATCAAATG ACAATATAAA 2160  
 5 TAATTCTTTA TAAAACAATG TAATAAACAG AACAACTATG ATGGCAATGA CAATAATCGT 2220  
 TGTAAATCA CTTATATTCA CTGCGCTTAT TGAGCCAAAT AGCAATCCAA CAATTTCTTG 2280  
 ATTGAACCCA TCAGCTAATG AAATGAAGAT TGCACTCAAG GCGATACCAG CACTCATTAT 2340  
 10 AATTGGAATA GCAATTTCTT GGTAAGCAGT GTATGACGTT CTTAATTTTT CAATTAGAAG 2400  
 CGCACCTACT ATTGCGAATA AGATTCCAAA CCACATTGGA TTAATAAATA CTAGTGTTGG 2460  
 CATAATAGTA AGTAAAAACA TACCGAAAGA TATACCACCT AAAGTTACAT GACTTAGAGC 2520  
 15 ATCAGCTWTA AGTGATAGTC GTCTAACAAc GATAAAAGCA CCGaTTAGAG GCGCAATAAA 2580  
 ACCTAtCAAG ATaCCACTAA TTAAAGAGTA CCTCATAAAA TCAAAATTCA ATAATGCATC 2640  
 TATCAATTGT GACACGCCTT TCCATTTTAA ATAAACTCAA ATCTTTATTA ATTACAACAT 2700  
 20 TCTCGATTAT GCTGATGATC GACAAAACGT ACAGGATGTC CATAAATTTT TGAAATTTCA 2760  
 ACTTCATCAA GTGATTTAAA CTCATCAGTT GTACCATGGA AATGCAAATG CTTATTTAAA 2820  
 CATGCTACTT CAGTAGCAGT ATCTGCTACA ACACCGATAT CATGAGTAAC TAAGATAATG 2880  
 25 GTGATACCTT CTTGTTTTAA TTGATCTAAA GTATTATAAA ATTCACTTAC ATGTTTTGCA 2940  
 TCAATACCAT TCGTTGGTTC ATCAAGTACT AATACTGcAG GTTCTGAAAT CAATGCTCGA 3000  
 GCAATCATTa CACGTTGTTG TTGACCACCT GATAATTCTG CTATATTTTT ATGAATTAAA 3060  
 30 TCACTTATAT TCAGTCTTTC TAGTACTTTA ATCACTTTTT CATTATCTTT GCTATTAAAT 3120  
 GTTTGGAAAA GACGTTTTGT CTTGTGTAAT CCGCTTAAAA CAACTTCTTT AACACTTGCT 3180  
 35 GGGAAACCTG AATTAAAGGC ATTTGCTTTT TGTGATACAT AGCTTAATTT AATTGATGTT 3240  
 TcTTATTTTT AAAATCAATA CCTTCAACAA AAATCTCACC ACTTTGTAAA GGTAAATAACC 3300  
 CTAGAATCAA CTTCAATAAT GkTGATTTAC CAGCACCATT TGGkCCAACA AwTGCLAAAA 3360  
 40 ATTCACCTTT ATTTATTTTG AATGnnnTAT ATT 3393

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 427:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1123 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 427:



CCCTGTTTCT TAGCCTTTTC GTATATGCGT TCATAAGAAG AATTCCTTTT GATTTCAGAT 120  
 TGTAAGCAC TGTTTTCACT TGATTGTTA TCTATTTTAT AATCTAAATC TGCAATCTTT 180  
 5 CCTCGCGTAT CATACGCATC CATTTTTAAA GATAGCATAT AAATACTTAA CATAGCAATT 240  
 ACAGTAATCA AAGTTATGTA TAAAACTTTT TCAAATTTAG TTAATTGTAC AACCACCTTTT 300  
 CTCGAAACAG TCTTCTTTTC GGGCTTAGTT TGTGGTGTG GCTTCGGTAT ACTATTATAA 360  
 10 ACTTGTTGCGT CATATGGTTG GTACACTTTT TCTACAGCCA TTATAAATTG CTCCTTATTT 420  
 AAGTATTTCA GCTACACGTA ATTCGCGCT TCGTGCTCTG TTATTGTCAT CTAAATCTTC 480  
 TTCTGTAGCG GTAATCGGTT TACGATTAAC ACGCTTTAAC TTAGGTGTAT ATGCTTCTGG 540  
 15 TATAACTGGT AATCCTCTTG GTACCTCTGG ACCTTTTTC TATTCTTGGA ACACCTGTTT 600  
 ACATAAACGA TCTTCTAAAG AATGGAAAGT GATTACCGAA ATCCTGCCAT CTACTTTCAC 660  
 TAATTCATC GCTTGTTCTA TTGAATCTTC AAAAGCTGAC AATTCATCGT TTAGTGCAAT 720  
 TCGTAGTGCT TGAAATACTC GTTTTGCAGG ATGTCCGCCT TTTCTTCTTG CTTTTCAGG 780  
 AATACCTTCT TTTATAATGT CAACTAATTC TAATGTTGTT GTTATTGGTT GTTGTTGCGG 840  
 25 ATGTGCTTCG ATCTCTCGAG CTATCTGTTT TGAAAATTTT TCCTCGCCAT AGCGATAAAA 900  
 AATCTTCACT AACGCTTCAT ATGACCAATT GTTAACAATT TCATATGCTG TTAGTTCCTG 960  
 TGTTTGGTCC ATACGCATGT CTAATGTTGC GTCATGGTGA TAACTGAATC CTCGTTCTGG 1020  
 30 AATGTCGAGT TGTGGGCTTG AAACACCCAA GTCGTAATAA ATTCCATCTA CTTTTTCAAT 1080  
 GTTTAAGTCT TTTAATATTT GAGTTAATTC ACGGAAGTTG CTA 1123

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 428:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 838 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 428:

TATATCCTCC AaACCATAAA AATGGAATTA TAGTGAAGAC CGCTATGATC CAGGATGACC 60  
 45 ACGTATTATA GAATCTTTCg ATAGAGAAAC GAATCaACGT ATCCgACATC aCGAAATGAA 120  
 ATTAGAAGAT TATAAAGATG AGTTAAGAAG AGAATATCTA AAACAATCTG ACAGAATTGA 180  
 50 AGGAGATGAA TAAGCGTGGG ACTTGATTTT AGTGGTTTAC CAGATTTAGC AGTATTGGAA 240  
 CAAATGAAGG AAAAAGAACA GATTAGTGAG GTTATTGCGC CTGAACATGT TCGTATGCAT 300

	CATTTCAAAA AATTTGAAGA TGATTTTAAA AATGCGGCAC AAGGGGCTTG GGTGAAAAAT	420
	GCCACAGACG AATTAAAAGA TATTAGTAAT GATTTAGAAA AAATTCAAGA TATTAAAGTA	480
5	TAAAAAGGTA TTAAGAAACA CAATAAGTAT ATAATCCATT TAATAATAAA TGAATTATAT	540
	AGTTCATAAT TTCGACTATA AGTGGCTATT AGCCATTATT TTTCGGGATC TATGTCAAAT	600
	CGGACTAATG AATTCAATAA TGGAAGTTAA GCAACCAATC TTGTTTAAAC TTCTTTTTTA	660
10	TTTTTTGGAA AATAAGTTT TGAACATAAT AAAATTTGAT TATGTTTTAA CGAATTTTGA	720
	TGTTTCTTGA ACTATATATC ATCTAGTCGT CATTTACAAT TGTAAATAT GACTTCAAAC	780
15	TGKATGAAGG TGATGGCGAT TAAAAGGCTC ATCCGTAGGT TCTAAAGAAC TAGAnTTT	838

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 429:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1150 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 429:

	ngTGTTCAAA TAATAGAATG GCTAATACCC CAACAATAAA TAGGAATAAA TATGTTGATG	60
	TCGTAATTTT AGTAAATAAT GAAATCTAA AATTAGTAAC CCTATTTTGA ATATAAGCTT	120
30	TAAC TTCTAA TAATACTGGG AAGCCGATTG ATCCTAAAT TATTAAAAAT ATA ACTATCG	180
	CTTG TACAAA ATAATCATGT GCATAAGGAA TTAATGACTT ACCTGTAATA TCTAATCCAC	240
35	CATTGGTAGT GGCAGAAATA GAAACAAAAA CACCTTGCAT GATTGCATAT TTAAATCTG	300
	GATTATCTCG ATAAAAGTAA AATGCTAATA ACATGGCTCC TACGAGTTCG ATTACAAATA	360
	TTGATTTTAC AATATCAATA ATCAATTTGA CGGTACCACT CATTGTGTTT TTGTATTAT	420
40	CTAACATAAT TAACTGACGT TCTCTAATTC CAATATGTTT ACCTAGTACC ACCCATAACA	480
	TCGTACCAAT TGCCATGACG CCAATTCCAC CAATATTTAA TATCACGAGG ATAATTAATT	540
45	GTCCAAATGT AGAATAGGTA TCGACAATAC TTATCGGAGA CAATCCAGTA AACTAATTC	600
	CGGATACGGC AACAAATAAT GTGTCAATTG GATTTACTTC TACACCTGGT TTATGaACAT	660
	ACGGTAAGTT TAATAATAAA AATGCAATGA CAATTGCGAC GATATAGTAC AATACAATAC	720
50	CTTGTTGAGG GCTTGATCTT TTTAAAAACT GGCTAAAAAT TGACACGTTG TTCACCTCAA	780
	CATTATTTTA GTTTAATATT AATTTCTTTC TCTTTACCAT CTCTATAAAT CTTGCTGTA	840
55	ATTGATTICA AGTCATCTTT ATGACTAAAT ATAATCTGCC TAAAGCGTAA ATCATCTTCT	900

AAACCATTGT TGTCAACTTG ATCTACAACA ACACCGTTCT TAACTTTTCC TGGCAATTTA 1020  
 ACTGCTTGTC TTTCAAAACT ATTTAGACTG ACAATATTCT TCATTTTAAC ACCTACATCG 1080  
 5 GGATAGTCAA TTTTACCTTT tGTTTCTAAA TCTTTTACAA TCTTTtGTAC TTCATTaCA 1140  
 GGTATTGCAA 1150

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 430:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 797 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 430:

20 AAGAATATTT AGGATTTTAT GTTTCGCAAC ACCCAGTAGA TAAAAAGTTT GTTGCCAAAC 60  
 AATATTTAAC GATATTTAAA TTGAGTAACG CGCAGAATTA TAAACCTATA TTAGTACAGT 120  
 TTGATAAAGT TAAACAAATT CGAACTAAAA ATGGTCAAAA TATGGCATTG GTCACATTAA 180  
 25 ATGATGGCAT TGAAACTTTA GATGGTGTGA TTTTCCCTAA TCAGTTTAAA AAGTACGAAG 240  
 AGTTGTTATC ACATAATGAC TTGTTTATAG TTAGCGGGAA ATTTGACCAT AGAAAGCAAC 300  
 AACGTCAACT AATTATAAAT GAGATTCAGA CATTAGCCAC TTTTGAAGAA CAAAAATTAG 360  
 30 CATTTGCCAA ACAAATTATA ATTAGAAATA AATCACAAAT AGATATGTTT GAAGAGATGA 420  
 TTAAAGCTAC GAAAGAGAAT GCTAATGATG TTGTGTTATC CTTTATGAT GAAACGATTA 480  
 35 AACAAATGAC TACTTTAGGC TATATTAATC AAAAAGATAG TATGTTTAAT AATTTTATAC 540  
 AATCCTTTAA CCCTAGTGAT ATTAGGCTTA TATAACTTTY ATCAACTAAT AAATTATGAT 600  
 ATAGTAAACT GATGGTTAGA TATTTyTyAA CCATCAGTTT GCGTktATAT TAGTTTTTTA 660  
 40 TGCTTATTAT TTTTATGAGT TTCACTTTAC ATTATTGATT AATCCATAAG AATAATTAGC 720  
 ACAAAAAGCA GTATACATAA ATTGAGTAAA GAATTTTGTC GATATAACCG nGCGGAAAAA 780  
 TAATAACnTT TTGGATn 797

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 431:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

TTTCCAAGAG AAGTTGCGGA AGTAATTAAT AAAACGCATC ATAATAAATT GGTCATTTTCG 60  
 ATGATTTTCGk CACAAATCGA TCGGATAGA ATGGATTATT TACAACGTGA TCGTATTTTC 120  
 5 ACAGGTGTAT CATATGGTGC TTTTGATATG GAGCGTATTT TAAGATTAAT GCGACCTTCT 180  
 AAAGATGAAG TACTAATCAA AGAAAGTGGT ATGCATGCAG TTGAAAACCTT TATTATGAGT 240  
 CGTTATCAAA TGTATTGGCA AATTTACTTC CACCCAGTTA GTCGTGGTGG AGAAGTGCTG 300  
 10 CTTAATAAATT GtTTGAAACG CGCAAAACAG CTTTATAATG AAGGCTATGA ATTTAAGTTG 360  
 CATCCACATG ATTTTATTCC ATTTTTTGAA GAGACAGTTA CGATTGAACA ATATGTTGAA 420  
 CTCGATGAAG CGGTAGTTAC GTATTATTTG GAAAAATGGA CAAAAGAAGA TGATGCTATT 480  
 15 TTAAGTGATT TAGCAAGTCG ATTTATTAAT CGAGACTTAT TTAAATATAT TCCATTTGAT 540  
 GGCTCAATTA TTACAATATC AGAACTGCAA GAACTGTTTG AAGCAGGTGG TATTAATCCA 600  
 20 GATTATTATT TTGTGAGTGA AGCATTTTCT GATTTGCCAT ATGACTATGA TCGACCGGGG 660  
 TCAAATCGCA AACCGATTCA TTTATTAAGA CAAGATGGTA CGATTAGAGA AATAAGCAAT 720  
 CAATCATTAG TCATTCATAG TATTACAGGC ATTAATCGCC AAGACTATAA ATTATATTAT 780  
 25 CCTAGAGAAA TGGTTGCAAA GATTAAAGAT AAGACAATTA GAGAAGCTAT TGAAAATTG 840  
 ATTAATGAGC TTAATTAAAC AGGGCTAAAA TTGTTATCGT TAAATATGGA GGTATATCA 900  
 TTGTCTGAGA AAAAAGGCTT TAATTTTAAT ATCATAAAAA ATGACCCTCT AGATGGTCAT 960  
 30 AAAGGTACAA ATATTGGTTC AATTAGCTTA GACAATATTG CACCAGTTTT TATCGATGTT 1020  
 GCTAACAAAG AAGCATTIAT TGATATTGGA GGCATGCATG CTCGTGCCAA AGTTGAAAAA 1080  
 35 GGTGTGAAAT GGATTACTGA TAAAGCTGCT GTTGAAGGCG ATGAAGCTAA AGaATATTGG 1140  
 TTGTGTTGGG TAACAACAGA ACCTAATGAA CAAGGACCAT ATTACGCTGG TTTAACAGCG 1200  
 TGCTATTTAT TAGTGAATAA AGCAATTCGT CGTGGTTATA AAAGTATGCC TGAACATGTT 1260  
 40 AATATGATGG ATAAATCAAT GAAACATCAT ATTATCATAG ATCAAATTGG TGACGAGAAT 1320  
 AAAGCTATTT TAAAAGACTT TTTAATGAAC CATGATGAAG GTATGTGGAA GCATTCTTCT 1380  
 GATGCTTTAC ATCAAGCATT TAATTAAATA TTAGAACTA AAATTTCCCA ATTAATCTAT 1440  
 45 AAAGATATGA TTCATTTCTC AATGAC 1466

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 432:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2304 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 432:

	TTGTACGAAT ACAAAGTTGC ATTAATATAG AATCATTAT GCTTTTAAAT ATCACAAAAC	60
5	AAATTGATTA AACTAGCTAA AATAGTCAAA ATTGGAATCA AGATTACATA AATATCATAA	120
	CCTCTAGATA TTAGTATACA TAATATAATT AGCGACCCTA TTATAATTGC TAAATTATAA	180
	GCCAAACTAA TTTTATATTT CATTTCAATT CCCACCTTAA TAGCATTAT TAAATTCTA	240
10	TAATGTTTAC ATAGACTTCT TAACAACTT TAACCCAGCT AAGCTAAGTA TTGAAATAAT	300
	TACACCTCCT AATATAAATA TATTACTTAA GCTTAGTAAA GGTATAATTA TACTTATCAG	360
15	TCCTAAAGAC AATGTATCCG CTGCATAATT CGATGAGAT GAGATACTAA ATACTTTCCC	420
	CATCAAATGA TTTGGCGTTT TTATTTGAAT GGCAACTGAT CTTGTTAGTC CCTCTATAGA	480
	TTGTCCAAGT CCCAATAATG TTGCACCTAT ATATAATATC GCCACACTTG GAAACACATT	540
20	AATAATCGAT AAGCCAATTC CCCAACTAA AACACCAATA CTAAATTTAA AGATTAATCG	600
	CTTTTCTGAC AGCAAACCCA TAATCAATGA CATTAAATAA GATGCTATAC CTAAACATGA	660
	TGTAGCTAGT CCATATACAC CAACGCCCTC TTTTAATATA TTGGAAATAA ACAATGGTAA	720
25	TACAACACGC CAAAGGCCAG TATTAATCAA TATGCAGGCA AATTGGATGA TTATAATAAA	780
	TGGAATTTCT TTAGATTGTT TCAAGAATTC CCAAGTTTCA GAAAAATCTT CTTTGTAGTG	840
	TCTATCAATC ATGTTGTTAT TTGTATATT TAAAAGTGCA TTAATAATAA ATCCTAAAAA	900
30	TAGCAATATA CTACAAATAA AAAAGACGCC AACATTACCA ACTAGTATTA CAATGACACC	960
	AATTAAAGCA GGTAAATAA TATTTGAGCC TCTTTGCAAA CTATCGATTA ACGCATTACT	1020
35	TGTTGCTAAA TGCTCCTCAT CAATAATTC AGGAAGAATT GCCCTAAACG CAGGATCCGT	1080
	ATAGCAGTTA ATAATGGTGA TAGCTGTAGA TATGGTTAGA AGCGTCAGAT AATTTAAATT	1140
	TGATGTTATT GCAAGTAAAG GAATAATTAT TATAATCAAA CTTAGTATAA GATCAGATAG	1200
40	ATAAAGTATT TTCTTTTAT TATGTTTATC AGAATATGCG CCACCGAAAA TACCAAATAT	1260
	AATAAATGGA AGTGTGTTGAC TCATAACCAT CATTGATAAT TTTAAAGATG ATTGGTTTGT	1320
	CAATTCAACA GTAAACCAAA TTATTTGTAA CGAAAACAGC ACAAACAAC TCCGACGTAA	1380
45	GATATTACCA ATCAATAAAT ATGTAAAGTT TCTATTTTTC AAAACTTCTA AATACAACAT	1440
	ATTTATCACC TCTCATAAAA ATAATTGAAT GCATCCACCA GCTTTTTTAG ACCTTCTTCT	1500
50	AAACTCTCTT TATCAAAGC GCAATTAATT CTAATATAAT TTAGTCAGTT AAATATCAAT	1560
	TATTTGAAA TATACATACT ACTTGAAACA CCATACATAA CCCCCAAAT GACTACTCAG	1620
	AGGTTATATT CTACTAATTA TGATTATATT AAATATGAAA ATATTATCAA AAAAATCAAA	1680

55

TCATTCTCAT CATATTCTAG GTTGTTTTAA ACAAATAAA TATAGTGAAT GCAAATCAAC 1800  
TATTATTTAA ATTATGAATT ATTTTAATTC TTTCTTCTAC GAGCCAATAA CATTAAATCCA 1860  
5 GCAATTCCAA TTATACTACT AAAGATCAAA CCTTTTTGCG TGCTTTCTAA ACCTGTTTTT 1920  
GGTAATTCTG CTCGTTTTTT CTCTTGATTA GCTACTGATT CTTAGCAAT TTTAGATTTT 1980  
TTAACTTTAT CATTTTTATC CATTGAATGA ACTGGGCCAT TTGGTTTTGC TCTGTCTTTC 2040  
10 GATAATCCTG GATTGTTAGG ATTTACTGGG CCACTTGGAT GAGTTGGTCT GCTCGGCTTC 2100  
TCTGGGTTTT CAGGTCCTTT TGGATCTTTT GGTTCCTCTC CACCGAACTC TACAATCTTA 2160  
TCTACTGGTT GTTTtGTGAT CTCTTCTGTT GGTGACCCT CGCCAACCTT TTCACCTGTT 2220  
15 AATGGGktCA CTGTGAWTGG TGktGTGAWT GTCyTACTTC CTGGktGTCC TTCTTGTTC 2280  
ACTCGCTCTT CACCAGGTTG TAAT 2304

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 433:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 4733 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 433:

30 GTCTTAATAT TTTACAAGAT ACAGCCTGAC AATATTTATA TTACAAACCA ATATGGTAAA 60  
GAGGCTGTGT CTCGATTAAA AAGAATTTTA GAGCAAAGTA TACCTAATAA AGAATATATT 120  
35 GATTTATCAG AGATATCATT AATTACATTT TTTAAACCAG AATATAATAA ACAACATGTG 180  
AATGAGGAGT TTAATTCTTT ATCTTCTTCG AAAATAAAGA ATTTAGCCAA AGAAAATGAT 240  
GGTATTATTA TTTATTTAAA TTTTAAGGAT GTTAATTATC AACTGaTAaG TGAAGGCAAT 300  
40 ACTTTTTTTT CTGCAAAACC ATATTTCAT TGTGTGTTCA ATAAAGATAT TTTAAATATG 360  
GATAAAGTTG ATATAGAAAA TTTTTTCAAA AGTATAGAAG TCAAATACAG TAAATAAGAT 420  
CAATTATTGA ATCCACCGAC CAGCAGATTT TTTTAAAAAA TTAATACCCC GTTAATACCC 480  
45 TTTGCTTCAA TTTGATGAAA ATCAATGAAA TTCAAAATTG AAGAAATCCT TTAATATCAA 540  
GGTGTACGAC AGTCTATATA ATCATGCGAA ATTCTAAAAT TTTctGAcGT AAAAAACAA 600  
ATTCyTAAAG CAGCTCGTCG TTCACCTCAA TTCTCAAAAC GTTAATTGTC GGACGATATA 660  
50 TATACAAAAC ACCTCGATGT TATGTCGAGG TGTTTTTTTG CGTTTGTGTG GGAATATGG 720  
AATAGAGTAT AAATGAATTA ATGTCTCAGG TATAGAATTA ATTCAACTAT GAATTATTGA 780

	TTAGCTTGCG	GAGACCGTAC	GATAGTGTTT	TAATAATAGA	TATTCAAGGG	AAAGAGCTAT	900
	CGGATGATAA	CCAGATGATA	ACTCAAGAAC	CATGTTTAA	GAGTGTTATC	AAAATAAGGA	960
5	GTGACTTAAT	TGAAAGATT	TATATTTTGG	AAGAAAGCTT	TTATTyCTGT	TTATTTTATT	1020
	GTTGsGATGC	TGGTGTCTT	ACTTTTtagg	TTTTATATTA	AaACAGATAA	CTTTTCTATA	1080
	TATTTAATGA	GTATCTTCTT	AATTTGTTTA	GGAAGTCTT	CTATCATTTA	TAACTATAAA	1140
10	ACCAATCGAT	AAATATAAGT	ATGAAATGTA	TAAGTCACAG	TTAGATCTAA	GTCTTGCTGT	1200
	GGCTTTTTAT	ATCTCCATAA	AACGACAAAT	TCAAGCCCGA	CATAAAACAG	CATTTTCAGC	1260
15	CCACCATAAA	ACGACAATTT	CAGCCCGCCA	TTGACTAAAC	ACCACATCCC	AAAAATATCG	1320
	TAACAATCCT	CTACATCAAT	CAATCCAACA	TCCCTCATAA	TCACAACGCA	CAAAATCTAT	1380
	TCATGCATTT	TTGGAATACT	TAGTATTACA	AATAACGATT	TTTATTCTATC	TAACAAAGGT	1440
20	TATATAATGT	ACTGAAGGCA	ATTTTTATGT	ATTACAAATC	TAATCGTACA	TGTAAATTTT	1500
	TGATAAACAT	CATTAATTTT	GCGTAACTAT	CATTAGATTA	CAAATCACAA	AGTAATTACA	1560
	TGTAATACAC	ATCTATACAT	CACATTTGAA	GGGAAATGaa	TATAAATGAC	TGATAAAAAG	1620
25	TACTACTGCAG	CCGATATGGT	TATTGATACT	TTGAAAAATA	ATGGGGTAGA	ATATGTTTTT	1680
	GGTATTCCGG	GTGCAAAGAT	TGACTATCTA	TTAATGCTT	TAATTGATGA	TGGTCCTGAA	1740
	CTTATTGTCA	CTCGTCATGA	ACAAAACGCC	GCAATGATGG	CGCAAGGTAT	TGGAAGATTA	1800
30	ACAGGCAAAC	CGGGTGTAGT	ACTTGTTACA	AGTGGTCTTG	GTGTAAGTAA	TTTAACTACT	1860
	GGATTATTAA	CCGCAACATC	TGAAGGGGAT	CCTGTATTAG	CGTTAGGTGG	CCAAGTGAAa	1920
35	CGnAnATGAT	TTATTACGAT	TAACGCATCA	AAGTATTGAT	AATGCTGCGC	TATTAAAATA	1980
	TTCATCAAAA	TATAGTGAAG	AAGTACAAGA	TCCTGAATCA	TTATCAGAAG	TTATGACAAA	2040
	TGCAATTCGA	ATTGCTACTT	CAGGAAAAAA	TGCGCAAGT	TTTATTAGTA	TTCCGCAAGA	2100
40	CGTTATTTCT	TCACCAGTTG	AATCTAAAGC	TATATCACTT	TGCCAAAAAA	CAAATTTAGG	2160
	AGTACCGAGT	GAACAAGATA	TTAATGATGT	CATTGAAGCG	ATTAAAAATG	CATCATTTCC	2220
	TGTTTTATTA	GCTGGTATGA	GAAGTTCAAG	TGCAGAAGAA	ACAAATGCCA	TTCGCAAATT	2280
45	AGTTGAGCGC	ACGAATTTAC	CAGTTGTAGA	AACATTCCAA	GGTGCAGGTG	TAATTAGTCG	2340
	TGAATTAGAA	AATCATTTCT	TCGGTCGTGT	GGGCTTATTC	CGCAATCAAG	TTGGTGATGA	2400
50	ATTATTACGT	AAAAGTGATT	TAGTTGTTAC	AATCGGTTAT	GATCCAATTG	AATACGAAGC	2460
	TAGTAACTGG	AATAAAGAAT	TAGAAACACA	AATTATCAAT	ATTGACGAGT	TCAAGCTGAA	2520
55	ATTACTAATT	ATATGCAACC	GAAAAAAGAG	TTGATTGGTA	ATATTGCTAA	AACGATTGAA	2580

## EP 0 786 519 A2

	CAATTAAGAA CACATATTGA TGAAGAACT GGTATTAAAG CGACGCATGA AGAAGGAATT	2700
	CTACATCCAG TGGAAATTAT TGAATCTATG CAAAAGGTAT TAACTGATGA TACTACTGTA	2760
5	ACAGTTGATG TTGGAAGTCA CTATATTTGG ATGGCACGTA ATTTCAGAAG TTACAATCCA	2820
	AGACATTTAT TATTTAGCAA TGGTATGCAA ACGCTTGGTG TAGCATTACC GTGGGCAATT	2880
	TCAGCTGCAC TTGTGCGCCC TAATACGCAA GTTGTGTCCG TTGCTGGCGA TGGTGGCTTT	2940
10	TTATTTTCAT CACAAGATTT AGAAACGGCC GTACGTAAAA ATTTAAATAT CATCCAGCTT	3000
	ATTTGGAATG ATGGAAAATA TAACATGGTT GAATTCCAAG AAGAAATGAA ATATAAACGT	3060
15	TCGTCAGGTG TAGACTTCGG TCCTGTAGAT TTTGTAAAT ATGCAGAATC ATTTGGCGCG	3120
	AAAGGTTTAC GAGTTACTAA TCAAGAAGAA TTAGAAGCGG CAATTAAAGA GGGCTATGAA	3180
	ACAGATGGTC CAGTATTAAT TGATATACCT GTAAATTACA AAGATAATAT CAAACTTTCA	3240
20	ACAAATATGT TACCTGACGT ATTTAACTAA AATAAGATA AATGTTAAAG AGGAGTGGGA	3300
	GATTTTATGA CTAATGTTTT ATACCAACAT GGTACATTAG GCACATTAAT GGCAGGATTA	3360
	TTAAAAGGAA CTGCATCAAT AAATGAATTA TTGCAACATG GTGACTTAGG TATCGCTACA	3420
25	CTAACAGGTT CAAACGGTGA GGTAACTTTT TTAGATGGAA AAGCTTACCA TGCAAATGAA	3480
	CATAAAGAAT TTGTAGAATT AAAAGGTGAC GAGTTAACAC CATATGCAAC TGTAATAAAA	3540
	TTTGTAGCAG ATACAAGCTA TGAACGAAA GATAAATCTT CAGAAGCAGT TTTTGCAGAA	3600
30	ATTAAGGAAA AGATGTTGAG TGAAAATTTA TTTTCAGCAG TAAAAATTTC AGGCTTATTT	3660
	AAAAAATGC ATGTACGTAT GATGCCGGCT CAAGAACCAC CTTATACACG TTTAATCGAT	3720
35	TCAGCTAGAA GACAACCTGA ACAAAGTGA ACGTATGTCA AAGGTTCACT CGTTGGTTTC	3780
	TTTACACCAG AATTATTCCA TGGTATCGGA TCAGCAGGAT TTCATGTACA CTTTGCGAAT	3840
	GATGATCGTA ACTTTGGTGG ACATGTCTTA GATTTTGAAG TAGAAGATGT TAAAGTAGAA	3900
40	ATCCAAAATA TAGAAACATT TGAACAGCAT TTTCCAATTC AAGATAAAGA TTTCATAAAA	3960
	GCAAATATTG ACTATAAAGA TATTGCAGAC GAAATTAGAG AAGCTGAATA ATGAATCCAG	4020
	AAATATAATG ACGGTTTATG AAAATTGACT TCATAATGCG CGATTTAGAA ATGATAGTTT	4080
45	GTAAATATGA TTAACCATGA CTACAATAGA ACAAATATAT TTATAATTAC GTCTAAGTAA	4140
	TAAAATAAAT CCCTTCACTA TTAGCAGTAG TGAGGGGATT TATTAGGTTC CAGATATTTG	4200
50	AGATTTGCTG TTATGTTTAG ATTATAAATT GTGGTACACA CTCATATAAA ATTTACTATT	4260
	GTATAGGCCA ATCTGTTACT ACGAGAAGCA AACAAACAATA ATTTACAAGT TCAATAACTA	4320
55	AAAAGACAAA CGCCAATTTT TCAGCGCTTG CCCTATAAAA CTATTTTCAA ATTATTATTT	4380



TTTCTTTAGA TTCACTACTT TTTTATTACC ATCATTCAAA GTAAGCGTAT AAGTTGCTGT 4500  
 TTGGGCATTA TTAATTTTTT CTGTTGTAAC ACCACGTTGA GAAGCTAATT CATTTTTTTAC 4560  
 5 TTTACTGTCA ATTTCTTGAT AAAGAACATT TTTATTTTCT GGGGAAGATAA AGTAAGTTCCG 4620  
 ATGTAATGCA GTAATACCAT CTAAGTAAAT TGTGTAAGGA ACAGTGTGAT AACCATCCAC 4680  
 10 AGTCATTTCT TTATAGCCGT TATTACTATC TGCAGATGCT TCGTGACTCG GTA 4733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 434:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 434:

AATAAATGGT AATTTTATAT CATCAACGGC TACAAATGGG GCAGTTTCAT ATATAAATAA 60  
 ACACATCTAC TCAACTGnTC TTAATTAATT AATAAATGAT TTACCAGATG ACATATAACA 120  
 25 GCCATTATTA GnTTAATTCT AATAGTTTAT TTAAATTTTC TTCGGTTGTC GCCCAACTGG 180  
 TTGCGAATCT AACAACACGA TGTGATCAT CGTATTTTTC CCAACAGCA AATTTAACTT 240  
 30 TTGTTCTAA CTCTGCTATT TTCTCGTTAC TTAAAATAAA AAATTGTTGA TTGGTTGGAG 300  
 AATCAAAGTA AAGACGATAG CCTTTATTTT TAAACCCGTC TTTCATCTTA TTTGCCATTT 360  
 CGATAGCATG TCTGCTTATA TTAAAATATA AATTGTCCGT AAATAATTCT AAAAATTGTA 420  
 35 TGCCTGTTAA CCGTCCTTTT GCTAAAAGGG CACCGTGGAT GCTTGATTCT AGTGGTAAAT 480  
 TGTTTCGGTT CATTATTTTT CGTAAAAACA ATGGCTTCCC CGCATAATGC ACCTATCTkC 540  
 GTACCACCTA TATAAAATAC ATCACAATAT TTAGCGrTGt CTTTAATAGT CATATCTGAT 600  
 40 TGGTCACTCA TCAATCCATA CCCTAATCGT GCACCATCCA TAAATAATGG AAGCTGATAT 660  
 TGCTTACATA CTTTGCATAA CTCTTCCAAT TCTGaTTTAG AGTATAATGT GCCATATTCT 720  
 GTAGGATGAG AAATATATAC CATTCCTGGG AATACCATAT GGTCCTTTTT AAAATCACTT 780  
 45 TTAAATGTCT CCATGTAAGT TTCAACATCT GAAGCACTAA CTTTTCCTTC CTTAGAGGGT 840  
 ATAGTAATTA CTTTATGTCC ACTATATTCA ATTGCACCGC CCTCATGCAC AGCAACATGA 900  
 50 CCAGTGTCTG CTGAAATGAC CCCTTCGTAA CTTTCTAACA TTGAATTAAT AACAACCTGA 960  
 TTGGTTTGTTG TTCCACCTaC TAAAAAACGA ATTGTAGCAT TTGGaCAGTC AATTGTATCT 1020  
 TTAATCTTTT CAATTGCCTG AGCTGTGAAT TGaTCAAAGC CATATCCCGA AGCTTGTACA 1080

TCGAATGAAA TCACTACATT TCCCCCTAAA ACTAATATCA ACATTTTAAAT AAGATAAACC 1200  
 AATTTCAAAA CTAGTTCGAT ATTTAAATG TATTATGGAT GGnTAAAGTT TGTATCGCAT 1260  
 5 TATCGCGAAG TTGnATAAAT ATAT 1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 435:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 10 (A) LENGTH: 1072 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 435:

ACAGCTTTTG GTAArGGAGA AAwTCAaTat GAAACAGTAT AArGCGTATT TaATCGATT 60  
 20 AGATGGCACA ATGTATATGG GAACAGATGA GATTGATGGA GCAAnACAAT TCATCGATTA 120  
 TTAAATGTA AAAGGCATTC CTCATTTATA CGTAACTAAT AATTCAACAA AAACACCTGA 180  
 GCAAGTAACT GAAAAATTAC GTGAAATGCA CATTGATGCT AAACCAGAAG AGGTTGTAAC 240  
 25 GTCAGCGTTA GCCACTGCTG ATTATATTTT AGAACAATCA CCAGGAGCAT CAGTATATAT 300  
 GTTAGGTGGG AGTGGTTTAA ATACTGCGTT AACCGAAGCG GGACTTGTCA TTAAAAATGA 360  
 CGAGCATGTT GATTATGTAG TTATTGGACT TGACGAACAA GTTACATATG AAAAGCTTGC 420  
 30 GATTGCAACG TTAGGTGTAA GAAATGGtGC AACATTTATT TCTACAAATC CTGATGTATC 480  
 AATTCCTAAA GAGCGTGGTT TATTACCTGG TAATGGTGCT ATTACAAGTG TTGTAAGTGT 540  
 35 ATCGACAGGT GTATCGCCAC AATTTATTGG TAAACCAGAA CCGATTATTA TGGTTAAAGC 600  
 ATTAGAAATT TTAGGATTAG ATAAATCCGA AGTTGCTATG GTAGGCGATT TGTACGATAC 660  
 CGATATTATG TCTGGTATTA ACGTAGGTAT GGATACGATT CATGTACAAA CAGGTGTATC 720  
 40 TACGTTAGAA GATGTGCAAA ATAAAAATGT GCCACCAACG TATTCITTTA AAGATTTAAA 780  
 TGAAGCAATA GCTGAATTAG AAAAATAGAT ATAGTCATTT TATAAAGTAG GTGAATTGAT 840  
 TTGGTAAAAA TAGTTGTTTC GAGGAAAATT CCAGATAAAT TTTATCAACA ATTAAGTAAA 900  
 45 CTTGGTGCAG TTGTTATGTG GCAAAAATCA TTAGTGCCTA TGCCTAAAGA TCAATTTGTG 960  
 ACaGCcTTCG TGACGCAGAT GCTTGTTTTA TTACATTAAG TGAACAGATC GATGCAGAAA 1020  
 50 TTTTAGCGCA ATCACCAAT TTAAGgTAA TTGCGAATAT GGCTGTAGGA TA 1072

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 436:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 55 (A) LENGTH: 3271 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 436:

	TAAAACTTA CTTTAACACC ATTCCTTTTT AACTTTTTTC GTGTTTCnTT TnCTTAAGTC	60
10	CATCCATATT TTTAATGATG TCATCTGCTG TTTTATCTTT TAAATCTAAC ACTGaGTGAT	120
	AmCGAATTG TAGCACAGGA TCAAATCCTT TATGGAATCC AGTATGTTCA AATCCTAAGT	180
	TACTCATTTT ATCAAAGAAC CAATCATTAC CAGCATTACC TGTAATCTCG CCATCATGAT	240
15	TCAAGTATTG ATATGGTAAA TATGGATCGA TATGTAGGTA TAGACAACGA TGTTTTTTAA	300
	CATATTTTGA TAATTCATTA AAGAAAAAGT GTACGAGTTC TTGATTTTCA TAATCAATCA	360
	CTGGACCGCG ATTTGAATAA AAATACTTGA ACACTTTCAT AACAGGTACA GCAGTAAGtA	420
20	AGCAAGCTGC AATGACCTCG TTATTATTGT TTTTATTCC CACTAAATGT GTTTCATAAC	480
	CTTCAGCAAG CTTTAACTCA TAGTGGCCAA CAGTTTGCCT GaAATGACTG TATGGCATGC	540
25	TATCTGTAAa GGCACCAAAC TCTTTAGCTG TTAAATTGT AAACTTCATT ATCATTACTC	600
	CTATTTGTCT CTCGTTAATT AATTTCAATT CCGTATTGc AGTTTTTCTA TTTCCCCTCT	660
	GCAAATGgCA AAAATAATAA ATCTAATCTA AATAAGTATA CAATAGTTAA TGTAAAACT	720
30	AAAACATAAA CGCTTTAATT GCGTATACTT TTATAGTAAT ATTTAGATTT TGAATACAA	780
	TTTCAAAAAA AGTAATATGA ACGTTTGGGT TTGCTCATAT TACTTTTTTT GAAATTGTAT	840
	TCAATTTTAT AATTCACCGT TTTTCACTTT TTCAAACAGT ATTCGCCTAA TTTTTTTAAA	900
35	TCAAGTAAAC TTAATTATTC AATGTTTGTT GGATAGATTG TAAATATTTA ATGATTTCTT	960
	CACGCGTGTT AGATTTAAAT CGCTTAACGA TTTGCTACC AATGACAATG CCATCTGCAA	1020
40	CCTCTTTTAT ATCTGCAACA TGTTGTGGTG TTCTTATACC AAATCCTGCG ACAACTGGCA	1080
	CATTGGCTAT CGCTTTAATT GACTCAATTT TTCGTTTAA TTCTGGATGA AACGCACCGT	1140
	TTTGCCCTGT TGTCGCATTC ATCGTCACAG TATAAATAAA GCCTTCCGCA TGGGATACGA	1200
45	TATCTTTTAT ACGTTTGTCA TCAGTAGTCA TCGCAACTAA CGATATGATT TTGACGCCAT	1260
	AGTGACTAAA TTGTTGTTTT AAACGCTGCG ATAATTCATA TGGTAAATCA GGAATAATTA	1320
	AGCCGTAGAC ACCAGTATCT CGACATTTTT CAAAAAACGC TTGTTCTCCA TAATGACAAA	1380
50	TAATATTATA ATACGTCATT AATACATAGT TACACTTAAT TTGATCACCA TGTTTTTCTA	1440
	ATTGATTGAA AATATAATCT ATCGTGATGC CTTGTTAAT CGCTTGTTGA CCTGCTTCCA	1500
55	TGATAACTGG ACCATCAGCA ACCGGATCAG AGAAAGGTAC TCCAATTTCA ATTATATCTG	1560

GTATAAATAA TTTAGTCATT TGCAAGACCT CGCTCTACCA TATATTGTCT AATTGTTTCC 1680  
 ATATCTTTAT CGCCACGTCC AGAAATAGTT ACTACAATAA TATCTTCTTT CGACATCGTA 1740  
 5 GCGCTAGTC TTTCAACATA ACTCAGTGCA TGTGCACTTT CAATTGCAGG TATAATACCT 1800  
 TCATGTTTTG TAAAGTTGAT TAAAGCATTG ATTGCTTGTG TATCACTAGC ATTTTCAAAA 1860  
 GTTACTCTAC CAATGTCGTG GTAATAAGAA TGTTCCTGGT CAATACCAGG ATAATCAAGT 1920  
 10 CCTGCTGAAA TAGAATGTGC TAGTTGCACT TGCCCATCTT CATCTTGAAT TAAATACATT 1980  
 TTAGTACCAT GTAATACGCC AGGTGATCCT TTGCCAATTG CAAGTGCATG TTTATCAGTA 2040  
 15 TCATCGCCTT GACCTGCGGC TTCAACACCG TATAATGCAA CATCATCTTT AATAAATGGA 2100  
 TAAAATGTAC CGATTGCATT TGAGCCACCA CCGATACATG CTACAATTGC ATCCGGAAGT 2160  
 CGACCTTCTT TCTTCAATAT CTGTGATTTT ATTTCTTTAC CAATCACACT CTGAAAATCT 2220  
 20 CTAACAATCG TTGGGAACGG GTCTGGACCT AATGCAGAAC CTAATAAATA ATGTGTATCA 2280  
 TCTACATGAC TTACCCAATA TTGCAATGCT TTATTAAGTG CATCCGATAA AGTCCCTTGA 2340  
 CCATCTTCAA CTGCCACAAC CTTTGACCA AGTAATTCCA TTCTAAATAC ATTAAGTTGT 2400  
 25 TGTCTTTTAA TATCTTCACT TCCCATAAAG ACAACAAGTT CCATATCAAA TAATGCAGCA 2460  
 ACCGTAGCAC TAGCTACACC ATGTTGACCC GCACCAAGTT CAGCAACAAG CTTCTTCTTG 2520  
 CCCATTCTTT TAGCAAGCAA CGCTTGACCT AACGCATTAT TAATTTTATG GCGCCTGTGA 2580  
 30 TGATTTAGAT CCTCTCGTTT CAAATATATT TTAGCGCCAC CTAGGCTTTC AGTATATGAT 2640  
 GCAGCATATG TAAGTGGTGT CGCGCGTCTT ACATACTCTG ATAAATAGTA TTCCAGTTCT 2700  
 35 CTTTGAAACT CTGGGTCTGC TTTTGCTCTT TTATAAGCTT TTTTCAACTC AATAATTGCT 2760  
 GGCATTAATG TTTCTGGAAC ATATTGCCCT CCATATTAC CAAAGAAACC TAATTCATCT 2820  
 GCTTCTGTTT GTATTTGTTT ATTCATTGTC TCTATCTCCT TTCACAATAT TTACAATTGC 2880  
 40 TGTCATTTTT TCTATATCTT TTCGCCCAT TACTTCTATA CCTGATGCAA GATCATAACC 2940  
 TTGATGTGAT AATTTAAGTT GATTAAGTGT TTGAATATTT TCAGAGTTAA TGCCTCCTGC 3000  
 TATCAAATAA GGTATGTCTT TTATGTGCTT CAAATAGTC CAGTCATATG TTTGACCGGT 3060  
 45 ACCACCATAC GACACTGAGG GTGTGTCGAT AATAAATAAA TCTACGAACC CTTTATATTT 3120  
 ATTTATGTTT TGGATTATGT TTTCATCTnG CAGtAAAGCT TTAGTGATTT TAATGCTTGA 3180  
 50 ATATktCTTT TTAATTTCTT GTAtAAAAAtC AATAGATTCT GtGTAAGTGT ATTGTGkTAA 3240  
 WTGaCGwATg CtTAawACgT GTGCCAATGG T 3271

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 437:

(A) LENGTH: 1553 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 437:

10	ATAATGAAAT AATACTGTGT TTTATCTGCG AAATGTATCA TTTTCTAATc GTTTCACAGT	60
	AAAAATGAAAA GATAAAGTGT GTTTTACTT GAATTTTGAC TAAAATTACT CTATATTTAT	120
	TAATTGAGCT ATGCTTATTA TTACAATTTG ATTACAAATT TTAAATTTGT TAATTGAATG	180
15	ATAATATTAA ATAAAGAAAC TTACACAAGC AAATATGAGT TGTAGCCCAA AATACTTGTT	240
	AAATCAAAGT TGAAAGCTAC AAATAATGAA AATTATAAAC TTGAATCTGA AAGTAATTAC	300
	TATAATTATG ACAATGTAA CTTTAAACG CACTTATTAA TTAACACAT AATGTTAATA	360
20	TCTAATTTAT TCAAGTACTT TCGCAAGATT TATTATCTAA ATAACGGGGG AAAGAATCAT	420
	GAGTtCACAA AAAAGAAAAT TAGTCTTTTT GCGTCTTCT TATTAACCGT AATAACGATT	480
25	ACCTTGAAGA CGTATTTTTT TTATTATGTT GATTTTTCTT TAGGTGTAA AGGTTTAGTA	540
	CAAACTTAA TATTATTGAT GAATCCTTAT AGTTTAGTAG CACTGGTTTT AAGTGTGTTT	600
	CTATTCTTTA AAGGCAAAAA AGCATTTTGG TTCATGTTCA TAGGCGGCTT CTTATTGACG	660
30	TTCTATTAT ATGCCAATGT TGTGTACTTT AGATTCTTCT CTGATTTTTT AACGTTTAGT	720
	ACTTTAAACC AAGTAGGTAA CGTAGAATCT ATGGGTGGTG CGGTTAGTGC ATCATTCAAA	780
	TGGTATGACT TTGTTTATTT CATTGATACG TTAGTTTACT TATTCATTTT AATATTTAAA	840
35	ACAAAATGGT TAGACACAAA AGCATTTAGT AAGAAATTTG TTCCTGTCGT AATGGCGGCT	900
	TCAGTAGCAT TATTCTTCTT AAACCTTAGCT TTTGCTGAAA CTGACAGACC AGAATTATTA	960
	ACACGTACAT TTGACCATAA ATATTTAGTG AAATATTTAG GACCTTATAA CTTTACAGTA	1020
40	TACGaTGGTG TTAAAACTAT CGAAAATAAT CAACAAAAAg CGCTAgCATC TGAAGATGAC	1080
	TTAACaAAAG TATTAAAtTA TACGAAAcAA CGTCaAACmG AGCCTAACCC rGawTATTAT	1140
45	GGGGTGGcAA rGAAGAAAA TATTATTArG ATTCAATTAG AAAGTTTCCA AACCTTCTTA	1200
	ATTAATAAAA AGGTTAATGG TAAAGAAgTA ACACCGTTTT TAAACAAATT ATCAAGTGGG	1260
	AAAGAGCAAT TCACATACTT CCCTAACTTT TtCCATCAAA CAGGTCAAGG TAAAACATCT	1320
50	GACTCTGAAT TTACAATGGA TAACAGTTTA TACGGTTTAC CGCAAGgTTC TGCCTTTTCA	1380
	TtaaaaGGAG ATAATACGTA TCAGTCATTA CCAGCAATTT TAGATCAAAA GCAAGGCTAC	1440
55	AAATCTGATG TCATGCACGG TGAATAAAA ACATTCTGGA ACAGAGACCA AGTATATAAA	1500

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 438:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1419 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 438:

	ACAAAATCAA TCAGCAAAAT GATTGGATTA AGACGCAAAT TGAGCGTTCA ATGGAAGGCG	60
5	AAACAGTTGG CATTAAATGAT CAAAATATAG AAATATATAG TGAACGtTgA GATTTATACC	120
10	ATACACTCGT ACCTTTAAAT CAAGAATTGC ATAAGTTGCG ACTTAAAACT CAAAACCTTA	180
	CCAATGAAAA TTATAATATT AATGATGTGA AAGTTAAAAA GATTATTGAA GATGAACGTC	240
15	AAAGACTAGC ACGAGAACTT CACGATTCTG TTAGTCAGCA ACTTTTTCG GCMAGTATGA	300
	TGCTATCTGC TATCAAAGAA ACGAACTAGA ACCACCATTA GACCAACAAA TTCCTATTTT	360
20	AGAGAAAATG GTTCAAGATT CGCAGTTAGA AATGCGTGCT TTGCTGTTAC ATTTAAGACC	420
	GCTTGTTTA AAAGACAAAT CTTTAGGTGA GGGTATTAA GATTAGTTA TTGATTTACA	480
25	AAAAAAGTG CCAATGAAAG TTGTGCATGA AATACAAGAT TTAAAGTGC CTAAAGGTAT	540
	TGAAGATCAT TTGTTTCAGAA TTACACAGGA AGCAATTTTCG AATACATTGC GTCATTCAAA	600
30	CGGTACAAAA GTGACAGTAG AATTGTTTAA TAAAGACGAT TATTTATTGT TGAGAATTCA	660
	AGATAATGGT AAAGGTTTAA ATGTTGATGA AAAATTAGAA CAAAGTTATG GACTTAAAAA	720
35	TATGCGTGAA AGAGCTTTGG AAATTGGTGC AACGTTCCAT ATTGTATCAT TGCCAGATTG	780
	AGGTACACGT ATCGAGGTGA AAGCACCTTT AAATAAGGAG GATTCGTATG ACGATTAAAG	840
40	TATTGTTTGT GGATGATCAT GAAATGGTAC GTATAGGAAT TTCAAGTTAT CTATCAACGC	900
	AAAGTGATAT TGAAGTAGTT GGTGAAGGCG CTTCTGGTAA AGAAGCAATT GCCAAAGCCC	960
	ATGAGTTGAA GCCAGATTTA ATTTTAATGG ATTTACTTAT GGATGACATG GATGGTGTAG	1020
	AAGCGACGAC TCAGATTAAA AAAGATTTAC CGCAAATTAA AGTATTAATG TTAAGTAGTT	1080
45	TTATTGAAGA TAAAGAGGTA TATCGTGCAT TAGATGCAGG TGTCGATAGT TACATTTTAA	1140
	AAACAACAAG TGCAAAAGAT ATCGCCGATG CAGTTCGTAA AacTTCTAGA GGAGAATCTG	1200
	TTTTTGAACC GGAAGTTTTA GTGAAAATGC GTAACCGTAT GAAAAAGCGC GCAGAGTTAT	1260
50	ATGAAATGCT TACAGAACGA GAAATGGAAA TATTATTATT GATTGCGAAA GGTTACTCAA	1320
	ATCAAGAAAT TGCTAGTGCA TCGCATATTA CTATTAAAAC GGTTAAGACA CATGTGAGTA	1380

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 439:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 608 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 439:

ATGTnGGCGG ACGTAAAGGA CATGTTTATA CTGATGATCG AGCATTAGAT ATTGATATCG 60  
 TTCCGCCTGC TCAAGCAGAT GGTAAAGCTA CTAACCCCGA ACAATTATTT GCAGCAGGTT 120  
 ATGCATCTTG CTTCAACGGT GCTTTTCGACC TAATTTTAAA GCAAAACAAA GTGCGTGATG 180  
 CTCATCCAGA AGTAACACTA ACAGTGAGAC TAGAAGATGA TTCAGACTCA GAAAGTCCTA 240  
 AATTAAGTGT TTCAATTGAT GCGACAATTA AAAATGTTAT ATCTCAAGAA GAAGCTGAAA 300  
 AATATTTACA AATGGCTCAT GAATTTTGTC CATATTCAAA AGCGACTCAA GGAAATATTA 360  
 ATGTCGATTT AAATGTAAAT GTTGTAGATT AGCATTAACT TAAAGAGATT ATTCAACGTT 420  
 ATTAATAAAA TTCACATAAA ATTCAAATTC stCrAccAAA AATTTTGGT TGGyTATTTT 480  
 TTCTATTCGT GATTGAAATT TCTGGCAATA TTAACTGAA AATGATTGTA CCTTAGTCAT 540  
 CATAAATGTG ACCGGTTCCA ATACTGGCTT GACTTCTTCG CATACCGTCT ACAAATAAAA 600  
 GTCCAGTG 608

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 440:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 682 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 440:

CCTTTCAAT TCTCCCAaG TTTACGCATG TCTGACCAAA TGTCAATACA ATACCTGAAT 60  
 AATGATTCTT GGAGTAATTG CGAAAAATAT TTAAGGTTG CTATAGATCA ATTTTCAAAT 120  
 TATAGTATCT CATCTCAAGT TTCTAACTAT CATTTACAG TATTACTTGG AGATCGCCAA 180  
 AAACCACTTA TGTATCTAAA TAAAAATCGC GGTGGTGATG GTGGCATACC AGGTTATATT 240  
 ATGATTTATT TAGTGCCGAG TACAAGTACA ATTAATTCTA TGAAAAGCTT AATTGCACAT 300  
 GAAGTAAATC ATAATATGCG CTATCAATAT ATTGATTGGG ATGGCGGAAG TTTGATTGAA 360

	ATTGGACCGT GGGTAACAAA TACTAATTGA AGTCGTGATA ACGTAAAAAT TAAAAATACT	480
	ATTTATAATC ATTTACATTT AAAGCATATA TTTGAATCGA tGCCTTATCT CTATGGTGAT	540
5	GATATTAATA AACTTCAAGG TAGGCCTATC GTTGGCTTAT CTCATGCTGC CGGGTATGCA	600
	TGTGGCTATC ACTTGGTAAA ATACTTTTTTA CAAAAACAA ACATACCTAT TGAAGTTGCT	660
10	ACAACACTTC CAGCACAAAA AA	682

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 441:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2574 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 441:

20	ATCTTCTTTT AACATGACAA ATTGCAACAA AATATTAATG ACGCCAAAAG ACATTTTTTC	60
	ACGTTCAATT AATTCTTCAA CCATTGTCTT TTGCGATATA GTTGGTTCTG ATTCAGACCA	120
25	AGAAGCTAAC ATATCAATTG GACTCGTTTG TTCAAGTAAC TCAAACCATT CATCACTTGT	180
	TGGCTTTTGA TTCACTTCTG AAGATTGCCC CGCCGAAGAT GATGTAGCAG GAGATTTTAC	240
	CTGTAATTTA GGCATTTGAT TTTCGTGTTT CATTAAGTAA TACGAGCGTG CTTGTTTACG	300
30	CATTTCTTCA AAGGATAACT GTTGTCCTT TGTAATTGAA TTTAAAATAA CATGCTTCAT	360
	GCCATCTGCT GTTAAACCAT ATAAAGTCGC GAGTTGTGTA ATTAAACGCT TTGCATCTTT	420
35	GGTAACAATG TCTTGACTAA TAAATGTTT ACCTAACATT TGTCTCAACA TTTCAAAGTC	480
	AAAAGATTCA TTTGATAAAT CGATACCTTG GTACGGTTCA TTAATCGGaa TATCACTTGT	540
	ATCGATATCT ATTTTTGTAG ACGGCACTTT AAAACATCA GTAAATTGTC TTGTTACCTG	600
40	TTTAAATTCA CTCAAATCAA TTTGTTGATA CTCAAAGTAT TTCTTCAACT CATGAAATCG	660
	ACGATGCTCG ACTTCACTAT ATAAAAAGAT TGACAACATT GGATCATTAA AAAATAAATG	720
	TGCTGAAGGG GtTGaATTAA TTGGTAAACA AATTGTGTTT CTTGTTTCATC ATGTTTGACA	780
45	AACGCCTTTA ACAATCCAAT CGCTTCAAGT AAGTCCATTT GTTGTCTAAA CTCTAGTAAA	840
	TTAATTTTAA GTTCATTCAT AAAATATATA TGAGAAAGAA TCAATGTTTC ATTATGACTT	900
	TCTTTAACGA ATTGAGTCAT AAAATGATAT AAACCCACTG CTTGCGTTCC AATTAGCGGT	960
50	GTATACAGTC GATTCAATAC CTCTAAATGA TTCGTATTTA AATCAAAGTG TTGCATAACT	1020
	TTGAATTGAT CCTTTGGTCT TAAGCCGAAT TCGAAGGCTT GTCGTCCCaT TTAAGCnATC	1080



	AAATTCTTTA TAGACTGATG CAAATCTAAC ATATGAAACT TGATCAACAT GCATTAAACAA	1200
	GTTCATAACG TGTTCACCTA TATCTCGTGA AGACACTTCC GTATGACCTT CATCTCGTAA	1260
5	TTGCCATTCA ACCTTGTTAG TTATGTCTTC AAGTGTTGA TATCTAACTG GTCGTTTCTC	1320
	ACAAGAACGC ACAAGTCCAT TAAGTATCTT TTCTCTTGAA AACTGCTCTC TTGTGCCATC	1380
	TTTTTTCACA ACTATAAGCT GACTAACTTC GATATGTTCA AATGTAGTGA AACGTGTTCC	1440
10	ACAATTTTCA CATTCTCTTC GTCTTCGAAT GGCATTTAAT TCATCGGCAT GCCTTGAATC	1500
	TACAACTTTA GATTGTGTAG AATTACATTT CGGGCATTTC ATTACATCAC CCTCTTTATT	1560
15	TTGATTATGC CTAATTATAC TATAAATCTA GAGATGAAAA AAGAATCCCT CAATTTAATT	1620
	CATTTAACCA AATAATGAAA CAATAAAAAA CATTATATCG TTACTTATTA AGTAATTGTC	1680
	ATGACAATAT TATTGTATTA AAAATAAAAA ACCTAACTCC GAAGTCAGAG TTAGGCTATA	1740
20	AATTAATTGT ATTAAGTTCG ACTTACAGTT TCTTTTGATG TCAAAAGTGC TCCAATTGTC	1800
	TCAGCAACAT CTACAACTCT ATTTGAATAA CCCCATTCAT TATCATACCA AGCAATAACT	1860
	TTTACTTTAT TCCCTGACAT GACCATTGTT GATTTTGCAT CAATAATAGC TGAATTTGGA	1920
25	TTAGTATTAA AATCAACAGA CACTAGTGGT TGATGTTTGA CTTCTATGAT ACCTTCTAAA	1980
	CCTGCATTTT CAAAAGCTTG GTTTACTTCT TCTGCAGTTA CTTCTTTTTC TAAATCAACA	2040
	ACTAAATCAA CGAGCGATAC ATTCTTTGTT GGTACACGTA ATGCCATGCC GTGTAATTTA	2100
30	CCTTCTAATT CTGGTAATAC TTCTTTTAAA GCTTTGCGCG CACCAGTAGA AGTAGGAATA	2160
	ATGCTTTTCA TACATGAACG TGCACGTCTT AAATCTTTAT GTGGATTATC AATATTTTTT	2220
	TGGTCATTTG TAATAGCGTG AACAGTAGTC ATTAAACCAT TAACTATTCC AACTGATTA	2280
35	TTTAAAACTT TTGCAACTGG ACCAATGCAA TTAGTAGTAC ATGAAGCATT ACTAAAAATG	2340
	TCAAATGCTT CTATATCTAA TTGGTTATCA TTTACGCCTT TAACTACCAT TTGAACATGT	2400
40	CCACCTTTTG nAGGACCAGT TAACAAAAsT TTTtTGGCAC CTGCTTTAAT ATGTGCGATG	2460
	GCTTTATCAC CATGATTAAA TTTACcAGTT GCATCTATAG CAATATCGAT ATCTAATTCT	2520
	TTCCATGGCA AGTTTTcAGG ATTGCGATCA GCAACCAATT TAATTTTATG ATCT	2574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 442:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 3326 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

	CAAGGTACCG GTTTAGGTTT GTTCATTGT AAAATGATTA TCGAAGAGCA TGGTGGTTCC	60
	ATAGATGTTA AAAGCGAATT AGGGAAAGGC ACAACATTTA TTATTAAACT ACCAAAACCA	120
5	GAATAAAATT GAATATAGTT ATTTCAGAAC GCATGTTATT GATTAGAGAC TCTAATTTAT	180
	AGCATGCGTT TTTTGATTGA TGTGGGGAAT TTTGTATGTG GATTAGAACT TAGGGTTTTT	240
	GCGAATATCA ACTATTAAAT ATATTACTAA TTTATACAAA AATATAAAGT TTGATAAAGT	300
10	TATTTATTTG ATTATAAAAA TAGGGTAAAA TATAGATATA TTGTATTAAT TAAATTATTC	360
	GAGGTGTCAT ATGAAAAAAT TCATTGGATC AGTTTTAGCT ACGACATTAA TTTTAGGGGG	420
	ATGTTCCACG ATGGAAAATG AATCAAAAAA AGACACAAAA ACAGAAACAA AATCTGTACC	480
15	AGAAGAAATG GAAGCTTCAA AATATGTAGG CCAAGGCTTC CAACCGCCTG CAGAAAAAAA	540
	TGCGATTGAA TTTGCGAAGA AGCATCGTAA AGAATTTGAA AAAGTAGGTG AACAATTCTT	600
20	TAAAGATAAC TTTGGACTAA AAGTTAAAGC TACAAATGTT GTAGGTAAAG ATGATGGTGT	660
	AGAAGTTTAT GTGCATTGTG AAGATCATGG CATGTATTTT AATGCAAGTC TACCTTTGTA	720
	CAAAGATGCC ATCCATCAAA AAGGATCAAT GCGCAGTAAT GACAATGGTg ATGATATGAG	780
25	TATGATGGTG GGTACAGTGC TGAGTGGCTT TGAATATCGA GCGCAAAAAG AAAAGTATGA	840
	TAAC TTATAT AAATTCTTCA AAGAAAATGA AAAGAAATAT CAATATACAG GCTTTACAAA	900
	AGAGGCAATT AACAAAGACAC AAAATGTCGG ATATAAAAAAT GAATATTTTT ATATTACATA	960
30	CTCTTCTAGA AGTTTAAAG AATATCGAAA GTATTATGAA CCACTGATTC GAAAAAATGA	1020
	TAAAGAATTT AAAGAAGGAA TGAACGAGC AAGAAAAGAA GTGAATTACG CTGCAAATAC	1080
35	AGATGCTGTT GCTACACTTT TTTCTACTAA GAAAACTTT ACTAAAGACA ATACAGTAGA	1140
	TGATGTAATC GAACTAAGT ATAAATTATA TAATTTAAAA AATAAACCAG ATAAATCTAC	1200
	AATCACAATA CAAATAGGGA AACCCACTAT TAATACTAAG AAAGCCTTTT ATGATGATAA	1260
40	TCGTCCAATA GAATATGGGG TGCACAGTAA AGATGAATAA AATTAATGAT AGGGATTTAA	1320
	CAGAATTAAG TAGTTACTGG GTTTATCAAA ATATTGATAT AAAAAAGAA TTAAAGTTA	1380
	ATGGAAAAAG GTTTAAACAA GTAGACAGTT ATAATGATGA TAAGAATAGT AATTTGAATG	1440
45	GTGCTGCTGA TATTAAAATA TATGAGTTAT TAGATGATAA AAGTAAACCA ACTGGTCAAC	1500
	AGACAATAAT TTATCAAGGA ACATCTAATG AGGCAATTAA TCCAAATAAT CCATTAAAAT	1560
50	CATCGGGGTT TGGAGATGAT TGGCTCCAAA ATGCTAAATT AATGAATAAT GATAATGAAA	1620
	GCACAGATTA TTAAAGCAA ACAGATCAAT TATCAAATCA ATATAAAATA AAGTTAGAAG	1680
	ATGCAGATAG ATTATCAAAT AGTGATTTTT TAAAAAATA TAGAATGGAA TCAAGTAACT	1740

55

	ATCAAGGAGC GAAACATCCG AATGAAAAAG TTGTTGCTAC TGA CTCAGCA ATGATTCCTT	1860
	ATGCTGCTTG GCAGAAATTT GCTAGACCAC GCTTTGaTAA TATGATTAGT TTTAATAGTA	1920
5	CCAACGATTT ATTAACATGG TTACAAGATC CATTCaTCAA AGATATGCCA GGAAAACGCG	1980
	TTAACATTAA TGATGGTGTG CCCAGGTTAG ATACTTTAAT AGACAGCCAT GTAGGTTATA	2040
	AAAGGAAGTT AAATAGAAAA GATAACACAT ACGATACTGT ACCACTAATC AAAATAAAGT	2100
10	CGGTAAAAGA TACAGAAATT AAAAATGGAA AAAAAGTAAA AAAGACTATT AACATAACAT	2160
	TAGATATGGA TGGGCGAATT CCAATAAATG TTTGGACAGG AGATTCGATT GCACGTTCTG	2220
	GAAGAGGAAC TTTAATTAAA CTTAATTTAG AAAATCTTGA TGC GTTGAGT AA ACTGATTA	2280
15	CTGGTGAAAC AAGTGGTATG TTAGCAGAAT GCGTAATCTT TTTAAATGAA AGTTTTAACA	2340
	TCTCAGAAAA TGAAAATAAA AATTTTGCAG ATAGAAAGAA ACAATTATCA GAAGGATTTA	2400
20	AGGATAAGAT TAAC TTATTT CAGTTAGAAG AAATGGAAAG AACTTTAATT AGTAAAATAA	2460
	ACTCACTTGA AGAAGTTGCA GATGAAACAA TAGAAAGTAT TAGTGCTGTT AAACACTTAT	2520
	TACCTGATTT TGCATTGGAT GCATTAAAAG AAAGAATTAA TGAGTTGTTT AAAGGTATAA	2580
25	AATCTTTTAT AGAAAAAGTG TATGATAGTA TAGATAATGA AATTTTAGAA ATTTTCAAAA	2640
	ATATAGATCA CGACTTCAGA GATGGAGTAT CTGAAGAAAT GATGAAACAT TTGAAAGTAG	2700
	TGAAACAGAA TATAGACCAA ATAAAAAATC AAAATGATAT TTATGGTAGG CAAATTGCAG	2760
30	ATATTAGAAG TATTATGAAA CAACAAGATG CAACAATTTT AGATGGAAAT TTTCAAATTA	2820
	ATTGTAGCGG CGAAAATATG GTACAGGGTC TAGTTATACC TTCTAATTAT TTAGGAAGAA	2880
35	AAATGAAAAT ATTA AAAGAC CATATCGATG ATGGTATTAA AAAAATAGCA GACTATGTTC	2940
	AAGGTATATA TGATGAATAT GCATCGAAAA TTGTCGATGT AATAAAATAT TTGATTAATA	3000
	CAATCCCAA AATACGTAAG AATTTAAGAC ATGCAATTGA AATGTTAAAT GTAAAAAAGA	3060
40	AAGAATTTTT GTCCCTGATT CCTAATGTAA CTTGTAATTA TATTAAAACT AAATTAGAAG	3120
	AATTAGATAA TACTTTAGGC AAATGGGAGC CTTTCTTAA TGATTTAAAA GCAGTGTCAC	3180
	CAATTTTAGA TAACCATTTA GATGATATTG TTAAGAACAT GAAGCCTTTG ATTGTACAAA	3240
45	TGAYATwTGA ACCATCACAT TATGaCGATA TGTTTAATTC aAGAAAAGCT TTAACGcCAG	3300
	TGTTCTCAAG CGTTTTATAA AGGTTG	3326

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 443:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 5301 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 443:

5	ACCTATAGCT GGCCCGTCAA GTCCTGAATC ATATGTCGCT ATAAACCCAG TTGCATGCCC	60
	AGCAATCTCG GTTTC AATTT CAAATCATG CTCTTTCAA CGATCTATTA AAGTTCGAGA	120
	CGCAAATATT TCTTCATTAC CAAGTTCAGG ACGTTCATGA ATTCTATGAC TGATTTCGAT	180
10	ATAACTATAT TTATTGTTT CTATATAATC GAGAATTTGT TGTTTTTCAC TCATTTTTTA	240
	CTATCTCCCT TTTACCCTAC ACTCATTTTA ATCATCCACA ATATTTTGTT CTTTCAAAAT	300
	GAATTATTAC TTATCTATC GGTTTTATCT CATGATGTCA TCTAGTTTTT CTTTATTAC	360
15	AAAATTTTCT AATAACTAAA aGCCTTTCAT AAATTTATAA AACAGTTTCA AATTGTAAAA	420
	CATAAGCCCT ATTGTTACAA TTTAAGTATT GTTAGAAACA CAACTTACAA CAACTTAAG	480
20	TTTTATAATG CAACAAATCA TAAGCGTTTT ATAGTTTTGA GTAGTTAATA GGAGGAAATT	540
	CAAAATGACA AAAATGAATG TTGAAAGTTT aAATTTAGAT CaTactAAGG TGGTTGCCCC	600
	ATTTATTAGA TTAGCGGGAA CGATGGAAGG ATTAAACGGA GATGTCATT CAAATACGA	660
25	CATTCGTTTC AAACAACCAA ACAAGAACA TATGGATATG cCCGACTAC ATTCATTAGA	720
	ACATTTAATG GCTGAAAATA TTAGAAATCA TAGTGACAAA GTTGTTGATT TAAGTCCTAT	780
	GGGTGCCAA ACTGTTTCT ATGTATCATT TATTAATCAT GATAATTATG ATGATGTATT	840
30	AAATATTGTT GAAGCAACTT TAAATGATGT GCTAAATGCT ACTGAAGTGC CTGCTTGTA	900
	TGAAGTACAA TGTGGCTGGG CAGCAAGTCA TTCATTAGAA GGTGCTAAAA CTATCGCTCA	960
35	AGCATTCTA GACAAACGAA ACGAATGGCA TGATGTTTTT GGTACAGGAA AATAAATCTT	1020
	AGTCAATCAA GTTAATCAGA AAaGCAGTCG AACAAATGATT TTACAATCGC CATTGTCCAA	1080
	CTGCTTTTA TTATGCTCA AAGTCAAAAA ATCGAACAAA TGAAAAAGTA AAATCTTTAA	1140
40	CATTGTCCG ATTTATTTGA GAACCACTAT AATTCTTAA TTAGTCCCAT TAACACGAAC	1200
	TGCATAGGTA ACCTTAAATA TAGTTGCCAT GTTGCAATT GTTTATCTCC TAAAGGTAAC	1260
	TTTTTAACTG CCATATAGAT ATTAGCTGGG AATACAGCTA GCAAGAATAG ATTGATTGTA	1320
45	TTTTTCAAGC ATTGAGATGG TCTTTTAATT AAAAGTGCAA GTCCAAATAA TATCTCAAAG	1380
	ATTCCTGTAA CAAGAACCGC TGTTTTTCGA AGTGGCAAAC ATTTCCGTAT GATATTTCTA	1440
	AATTGTCGTT CTCGTGTAA ATGCAATACA CCTATTACAC TAAACCTAT TCCTAATAAA	1500
50	TATCTTAGTA TGTTCAATCA GCTTCAACTC CTATTCTGTA ATGATTTTAT GAATTAATGT	1560
	AGGCGATACA ACATGatCAG CAATGTTAT GCTTGAATCT AATTTTTTAA CAACATCGTC	1620

55

## EP 0 786 519 A2

	AATTTTTTTA	TTTAAACAA	TACCAACCGC	TAAATCAATA	TCATCCTCTT	TTGTTAAACG	1740
	TCCCGCTCCT	AACATCATCG	AAGCGACACC	TATATCGTTA	GAGACTAATT	CAGTCACATA	1800
5	ACCTGATTTT	TTAGCTTTAT	ATTCAATTTG	ATATTGAGCT	TGTGGCAAAC	GCTCTGGATG	1860
	GTCAATAACA	GTTTCGTCGC	CACCTTGGTT	TTTAATAAAT	GTTTTGAATT	TTTCTAATGC	1920
	TGCACCTGAA	TTAATTGCCT	CAATTAGCAA	CGCTCTCGCT	TCTTCAAGCG	TTTCAGCTTT	1980
10	GTTTGCAAGT	ACAACCATT	GAGAACCTAA	TGTTAATACA	AGTTCTGTTA	AATCTTTCGG	2040
	ACCTTGTCTT	TTCAACGTAT	CAATTGCTTC	TTGTAACCTCA	AGCGCATTGC	CAATCGCACG	2100
15	TCCAAGTGGC	TGATTCATAT	CAGAAATAAT	CGCCATCGTA	TTACGTCCCA	CATTATTACC	2160
	AATACGTACC	ATTGCGTGCG	CTAATGCTTC	AGCATCTTCT	AATGTTTTCA	TAAATGCACC	2220
	GCTACCAGTT	TTTACATCTA	ATACAATTGC	ATCTGCACCA	GCAGCAATCT	TTTTACTCAT	2280
20	AATTGAAGAG	GCAATTAATG	GTATTGAATT	GACAGTACCA	GTAACATCCC	TTAAGGCATA	2340
	TAATTTTTTG	TCTGCAGGAG	TTAAATTTCC	TGATTGTCCT	ACAACTGCCA	CTTTATTTTC	2400
	ATTAACCAAT	TTCACAAATG	TTGCTTCATC	TATTTCAACA	TGAAAACCAT	CAATTGCTTC	2460
25	TAATTTATCA	ATCGTACCAC	CTGTATGACC	TAATCCACGC	CCACTCATTT	TTGCAACAGG	2520
	AACATCTACA	GCTGCTACTA	ATGGTGCTAA	AACCAATGTA	GTTGTATCTC	CTACACCACC	2580
	TGTTGAGTGC	TTATCTACTT	TGACACCTTT	AATATCACTC	AAATCTATCA	TATCACCAGA	2640
30	ATTAACCATA	GCCATCGTTA	ATGCTGCACG	CTCATCATCA	TTCATATCTT	GGAAATAAAT	2700
	CGCCATTGCT	AAACTTGATG	CTTGGTAATC	AGGAATATCC	CCTTTAACAT	AGCCGCCAAT	2760
35	AAAGAAATTA	ATTTCTTCCG	TTGTTAGTGT	ATGACCGTCA	CGCTTTTTCT	CAATAATGTC	2820
	TATCATTCTC	ATTTTTATCA	TCCTTTTCTT	AAAAAGCTTA	GGACAAAGCA	TCTGCGCTTT	2880
	CTCTAGTCCA	TTTTTAAAG	CACAAGCGAA	AATTATTATA	GCAAGCTATC	GATTTCATTT	2940
40	TTAATATCAC	AATTTCAATG	CGATGTTATT	ATTCTTAAAT	AGATTGGTTA	TAACGTAAAA	3000
	GTCCCTATTA	AATTATCTTA	GAATCATCAT	GGCATTATG	ATGTCTTAAA	GCTGATATCG	3060
	ACATACTTAT	ATATGGTTAC	GATGTCCCAT	GCTTACATAT	TTTTATAAAA	TTAGTAATCT	3120
45	GAATCTGCTT	CTAAACCTTG	CATAATTTGa	ACGCCTGCGC	TCGCACCAAT	ACGTGTCGCA	3180
	CCTGCTTCAA	CCATTTTATT	GAAATCTTCT	AAATTACGTA	CGCCACCTGA	TGCTTTTACT	3240
	TCTATATCAG	CACCTACTGT	ATCTTTCATT	AATTTAACGT	CTTCTGCAGT	CGCACCGCCA	3300
50	CCTGCAAAAC	CTGTTGAAGT	TTTAACGAAG	TCCGCACCAG	CCGCTTTTGT	TAATTCACTC	3360
	GCTTTTACAA	TTTCGTCATG	GTCCAACAAT	ACCGTCTCAA	TAATCACTTT	TACTGTGTGA	3420

55

	TTTAATGCGC CGATGTTGAT GACCATGTCA ATTTTCATCTG CACCATTTTG AATCGCATCT	3540
	TCTGTTTCAA ATGCTTTCGT CGCAGTTGTC GATGCACCTA ATGGGAATCC TATTACCGTA	3600
5	CAAACATAACA CCTCTGAATC AGCTAGTCGC TCTGCTGCAT ATTTAACATG CGTTGGATTG	3660
	ACACATACAG ATTTAAATG GTATGCTTTC GCTTCATCGA TGATTTGATC GATTTGCGTA	3720
	CGTGTGACT CAGGCTTCAA TAAAGTGTGA TCAATCAATT TTGCACTATT CATTTTCTAT	3780
10	CTCCTCCTTT ATGGTTGATT ATAAAAATAC GGTTGTAAAT TAGTTGATTG ACGTCAGGT	3840
	TCATTTAAAT ATCAGGTTAG ATGTTGCTT TTTATGTAAC CGCATACATA TACTATTACA	3900
	TTAATTCATT TCCCATAAAC AAACAATACA ATTGAACGTG ATATCTTCAT TATGAACGAT	3960
15	GACTTGACAA CAAGCTAATC AGGATTATAT TTTTATAATT CTTTAATTCT ATAGTACAAA	4020
	AATTCGCAAA AAAGGGAAAC AAATGTTATC TTAAAATTAT TAATGAATAT TAAGGAGAAG	4080
20	ATAACAAATG ACAAAGGTA CACCACATAT TCAACCAAAT GGAGTAAAAA TTGCTAAAAA	4140
	AGTATTAATG CCTGGCGATC CGCTACGTGC AAAATATATT GCTGATAATT TTTTAGAAAA	4200
	TGTTGAACAA TTTAACGATG TACGTAACAT GTTTGGTTAC ACTGGTACAT ATAAAGGTAA	4260
25	AGAAGTTTCT GTAATGGGT CTGGTATGGG TATTCCAAGT ATTGGTATTT ACTCATATGA	4320
	GTTATACAAC TTCTTTGATG TAGATACAAT CATTTCGTATC GGTTCCTGTG GCGCATTACA	4380
	AGAAAATGTT AACTTATACG ATGTTATTAT TGCACAAGCT GCATCAACTA ATTCAAATTA	4440
30	TGTAGATCAA TACAATATTC CAGGTCATTT CGCGCCTATC GCTGACTTCG AGTTAGTAAC	4500
	TAAAGCTAAA AATGTCGCTG ACCAAATCGG TGCTACTACA CACGTAGGTA ACGTATTATC	4560
35	TTCTGATACA TTTTACAATG CCGATCCAAC ATTCAATGAT GCTTGAAAAA AAATGGGTAT	4620
	TTTAGGTATC GAAATGGAAT CAGCTGGTTT ATATTTAAAT GCGATTCATG CTGGTAAAAA	4680
	AGCACTTGGT ATTTTCACAG TAAGTGATCA TATTTTACGT GACGAAGCTA CTACACCTGA	4740
40	AGAACGTCAA AATTCAATTA CACAAATGAT GGAAATCGCT TTAGAAATCG CAGAGTAACT	4800
	TATTTAAATT GACTTTAATT GCTCTTTAAC AATGCGATTA AACTCAAAAA GCCAACACAT	4860
	TCTGGGCGTA TCCCATTTA TGTGTTGGCT TTTATTTATA TTATTACTTA TCTGTAGATT	4920
45	AGCTTAAGTA AGATTTAAAC ATCCAATTAT GTTTATCTAC TGATGTTTGC ATACCTATAA	4980
	ACATATCTTC TGATACATCA TCGCCAGCAT TACCAGCAAT TTCGATTGCG TTTTCTAATT	5040
	GTTTTGAGAT ATTTGTGAAG TCTTGTGATA ATTCTTCAAC CATTTGTTCT GCAGAGTAAC	5100
50	CTTTCGCAGC TTCTTTAACA ATTGATTGCT CTAAGCATTC AGTTAATGTA CCTACAGGGT	5160
	TTCTCTCTAC CGCTAAAATT CTTTCAGCTA ATTCGTCTAC ATATTGGCTT GCTTCATTAT	5220

55

AATTGTGTAG CTTTGTGTAA G

5301

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 444:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 11466 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 444:

15	GAAGATGAAA GCTATATTGA AGATGATGTT ACTAAAAAGG AAGCTATTTT AAGTATGCAA	60
	ATTCCTAAAG GTTCTCTCA AAAATTAAAA GAGAACCGTT TAAAAGAAAC GATACAGTTA	120
	TATGGTAGAG ATGACTTTAT AGGTGGTATT GCTGTAGAAA TTGTTAGTAG TTCATTATAT	180
20	GAGCAGCAAA TTCCTAACAT TATTTATGAA CACCTTGAGG ATATGAAACA GCATCAATCC	240
	ATCGATGCTA TCAACAAGTC CTATCATAAA CATACACCTG AATCTAAAT CAAATTTGTG	300
	TCGCTTACTA AACAAGCACA ACACTCTATT TCAATTAGCT TAATCTTGC GGTGATTTTA	360
25	TTTGTTAGCG CTGTTCAAGT AGTACTTCAT TATCGTTTAA ACCAACAAGC AGCATTGCAA	420
	CGATTATCAC AATATCATTT AAGCCGTTTC AACTATATA GTACTTATGT AATGACACAT	480
	ACGATTTTGT TATGTTGGT ACTATTGGCA GTTAGTCTAT ATTTGTCTCA ACCACTCAGC	540
30	TTAATATTTT ACTTAAATC ACTGTTACTT ATATTGATTT ATGAGATAGG TATCGTCTTT	600
	ATCTTATTCC ATATTCAAAC AATAAGTCAT CGATTATTCA TGACATTTAT ATATGCACTT	660
35	GCTATGGGTA TCGTATACTT GATTATTTTC ATGTAAAGGA GCGTAACTGA TGATAGAAAT	720
	TAATAACCTT TCAAAGCGTT ACCGTAACAA ACAGATTTTC AATCATTTAA CTATGTCCTT	780
	TGATAGTAAT CGTTTAACCG TATTACTTGG TGATAATGGT GCTGGAAAAT CAACATTACT	840
40	TCGTATGATT GCTGGTATTG AAAAAGCTAA TGATGGAAT ATCAACTATT TCGGCGAAAA	900
	ATGGAATCAA AGACAaAATAC aAAATCACAT CGGTTATGTG CCACAAGACA TTGCGTTATT	960
	TGAACACATG ACAGTGGCTG AAAACATTAA ATTTTTTAAA TCACTTTGTA AAAATCCAAT	1020
45	TAACGATACA ACTATCAACG AATATTTACA GCAATTAAAC TTTGATGATA CGTCTGCCAA	1080
	AGTATCTACA TTGTCCGGTG GGAATAAACG TAAAATTAAT ATATTAGTAG GTTTACTAGG	1140
	TCAACCTCGA ATTCTCATTT TAGATGAACC GACAGTTGGT ATTGATTTAA AATCTAGACA	1200
50	TGACATCCAC CAACTACTTA ACATCATGAA ATCTAAATGT TTAATTATAT TAACTACCCA	1260
	TCATTTAGAT GAAGTTGAAG CACTTGCAGA TGATATCAAG TTAATTGGCC AAGATCCTTT	1320

	CCCAAGCTGC	GTATGATATC	GCAACTTGGG	ATTTTCTGTA	TTATCTACTT	TGCAAGTATG	1440
	ACGTTGGGTC	TACTGCATAT	TGATTACCGA	TGCCACCAGA	CATACGTTGG	AAGTGTACGT	1500
5	GAGGCGCTGT	TGAATTACCC	GTACTACCTG	AATATGCAAT	TTGGTCACCA	GCTTTGACTT	1560
	TATCACCAGC	TGAAACAGTT	AAACGATTAT	TATGCATATA	CCATTGGTAG	TTATTACTGT	1620
	TCGCTTCTTT	AATCGTTACT	TGATTGCCGC	CACCATAGTT	ACTCCAACCT	GCTTGTAATA	1680
10	CTGTACCATC	AGTTAATGAG	TAAACTGGTG	AATTTTCAGG	CATTGCATAG	TCGACACCGT	1740
	AATGCGCACC	ACCACCGTGA	TATTGTCCAT	ATGGTTGTAG	TTGTTTACGA	CTTGTTAACC	1800
15	AGCTTGGCTC	TTTCGCATGA	CCACTAGCTG	TCGCTTACT	TGCTGATCCA	CCATTTTGAT	1860
	TAGATGTGCC	ATTAGGATAA	TGACCTTTC	CATTACCATC	ATGGCTGTTA	TACGCTTGGT	1920
	TGTTGTTACT	ATGTGAATAA	TAGCTCGCGT	CTGGACCTAC	ATTTGATTGA	TAACCATATT	1980
20	GATTAAATATG	CTGTTGGCTT	TGACTCGCTG	TGTAGTCATT	GTTATCTCCT	GCTGTTGCTG	2040
	GATTCACATA	TGTTTGGCCG	CTTCCATTGG	CATTTGCATT	TTTTGGATAA	CAGTTATAAA	2100
	AATAATGCGT	ATGTCCTTGA	GCATCTACGA	ATGTATAGCT	ATATTCTTTA	TTATCAAACA	2160
25	TTGCTTGATT	CCAGTTACCA	TCAGGTGTGT	GATGATAATC	CCCATTAGAA	TCAATTGTAT	2220
	AATAAGTACC	ATAAGATACG	TCTTGTGATT	GTGTTGACAT	TTGTGTATGT	GCTTGTGGG	2280
	TGTTTGTGCT	TTCTGCTGCA	TCTGCTTGAT	GCGCCATTGT	AAATGTAGCG	AATCCATCGT	2340
30	TGCAATCGCT	GCTGCTGTTA	ATTTTTTCAT	GTATAAAACA	TCCTCCATTA	AAGTTAAAGT	2400
	TAGTTTTCAA	TTAAACTGTA	CTGCACATAC	TAAAGAATT	AGACAACTGA	GTAAGGATT	2460
35	TAATTCTCAT	TTTCCAATA	TTTAATATTC	CCGAAATGTT	TTACTAAACT	CATTACATTG	2520
	TCATTACAAA	ATAGCCATAC	ATTGATATTA	AAATGACATC	TCTCACTGCA	TTCGTTTAAC	2580
	CTTTTATAAA	TTTTCAAAAT	TAACAACTAA	TCGTTTCGTC	ATGTTTCGCA	TTCAACGCTA	2640
40	ATGCATGATA	GTAATCATCC	ATCAAATCAT	ATCAACCAAA	TTCCATTATC	AATCGCTATT	2700
	GATTGTCATT	CAACTTCTA	ATAGTGATAT	GCTTCTCAGG	CTTAAAAATC	GTCATATCTT	2760
	TTCTATTAAT	TAAATCATCT	GTGAGCTTTA	ATGCTACTAA	TTCAATTGCTG	CCATAATACT	2820
45	TAATATATAA	CGTTCTTGTA	GTAAATTTA	TTACGGTCTG	ATACATCGTA	TAGTGATTGT	2880
	CAGCATCATG	CGGACGTACA	ATTCCAATCG	GTATATTAC	CGCATCTAAT	AAATAAATG	2940
	CATTCAATAA	ATCCATTCT	TTATCATTGT	TTTGAGCAAT	GTTTGCTTTC	ATAAATGCCA	3000
50	TTCTCACAAA	GCGCTCAGTT	GAAGTAAATC	CACCTGGCAA	TCCAAATGTA	CCTGCTTCAT	3060
	TGCCTAAAGG	TTCAATCGTT	ACACCTTCCA	ATAAATTGTC	TGTTGCTGGA	TAAGGAGAAA	3120

55



	CACCAATAGG	ATTATCTTTT	ATAACCACTT	CACCCTCTTT	AAATGAAACT	TCGACTGTAT	3240
	GTCCAGTTGC	ATCGGAAACA	TGATAATGCA	ATGGCGGAAC	TTCACCGATG	TCATTTAAAT	3300
5	ATACAGCTAC	AACATGTATT	TGGGATGCTT	GTTGTTTCAT	ATCTTCAATG	CTTGTTGTAT	3360
	ATCCCAAAAT	CCATGTCACA	ATTTCATTTT	GCGTAATATT	CATCGCGTCC	GCTTTGTGTG	3420
	TTGATCCATA	TGAActATAA	CCTCGGAAAT	ATTGTGTGA	AATGGCAACG	CcATGTTcCAT	3480
10	TAACACCATC	ACCATAAATA	AAACCTTCCA	TATCTGTTCC	TGTGCCAATA	AAGCCATATT	3540
	GCGTTTGGCC	TGTCGTGCCA	GTGCAAGATT	TCCAACGATA	ATTTCTAGGC	GTCACTGCTG	3600
15	GCGAACCATC	TAATGGATAA	TCATAATCCA	TCGTGCGTCC	AAGAAGTACT	TGATTATTTA	3660
	AAGTTTGTAT	TGTGAATCCT	GTGCACATTG	TTCTCACTCC	TCTGTACCTT	CATTTACTTT	3720
	AATCACTTTC	AAATAAAGCT	GTTTCACTTA	AACATACTAT	AAAAAATCAA	TTATAACAAGC	3780
20	AATTAATTGA	TATTCATTCT	CAATAACTGT	GGTATGATAT	GTAAGGAAAT	CATGACTTAT	3840
	GTGTGAGTGA	ACGATCATCT	ATACATCCGT	TCACTTCATC	TCATGACTTT	CTATATTTAA	3900
	TTTTTACAAG	GAGTGACATC	TGTGAATAAC	ACACAATCTT	CACCACGCAG	TAATATTATT	3960
25	ATTGCGATTA	TGTTGTCTGC	ATTAACATAT	TGGTTGTTTG	CACAATCATT	TATTAATATA	4020
	GGACCTCTCG	TTGGTCAAAC	ATATCAAACC	TCTCCTGCCG	TGTTAAATTT	ATCTATTAGT	4080
	TTAACTTCCT	TCGCCACAGG	TATCTTCATG	GTGGCTGCAG	GTGATATTGC	TGATAAAATA	4140
30	GGACAACCTGA	GAATGACATA	CATGGGTCTC	ATAATCAGTA	TGTTTGATC	TCTTCTATTA	4200
	ATTATATCGG	ACATCACTGC	ACTGCTCATC	ATCGGTAGAA	TTTTACAAGG	TCTATCAGCA	4260
35	GCTATCTTGT	TACCTTCAAC	AGTTGGCGTG	TTAAATAATC	AATTTAAAGG	AGAACATTTA	4320
	AGACGAGCGA	TTAGTTATCT	AATGATTAGT	ACTGTTGGTG	GCATCGGCCT	AGCTGGTGTT	4380
	ATCGGCGGTT	TAATTGCCTC	AAATTTCGGA	TGGCAAACGA	ATTTCAATCAT	TAGTATAGTC	4440
40	ATTGCTTTCA	TTGCCATATT	GCTTCTAAAA	GGCACACCTG	AAAAAGTAAG	TCAACATAGC	4500
	CACCGTCATC	CATTCGATTA	CAAAGGTATG	TCGATTTTCG	CTGTTATGAT	TGGTAGCTTT	4560
	ACATTATTGT	TAACACAAGG	ATTCGAACAA	GGTTGGTTTA	GTACATTTTC	AATCATTGT	4620
45	CTGAGCATT	TTATCaTCaC	TACGTTGATA	TTCATCATCA	TCGAACGTCG	ACATGAAGTA	4680
	CCTTTTATTG	ATTTCTCAGT	ATTACGCAAC	CGTCCGTTCA	TTGGTGCAAT	TTTAAATAAC	4740
	TTTGTTTTAA	ATAGCGGTCT	AGGCGTAACA	GTGGTCTTTT	TCATATATGC	TCAAACACAC	4800
50	CTTGGTTTAT	CAGcTGCGCA	ATCTGGACTT	GTTACATTGC	CATATGCCAT	TGTGGCAGTT	4860
	GCGATGATT	GTTTAGGTGA	AAAAGCAACA	TTACGTTTCG	GTGGCAAATT	GATGCTCATC	4920

55

## EP 0 786 519 A2

	TCACAATATG TCATTGCAGT TATCATTGGT TTCGTCATAT GTGCGATAGG TAATGGTTTA	5040
	GTCGCAACAC CTGGACTTAC GATTGCAATT TTCAGTATGC CTAATGAAAA AGTTGGTTTA	5100
5	GCTACAGGAT TATATAAAAT GAGTGGTACA TTAGGTGGCT CCTTTGGTAT AGCACTAAGT	5160
	ACTACAGTTT TCAGTATGTT ACAACTAAAC TATGCACCAA GTGTAGCTGC AACCGTAACA	5220
	TTTATAGTCA GCATTGTATT GATGATCCTT GGCTCATTGT CTGCATACAT GATCATTCCA	5280
10	AAAACAGTTA AATCTTAAAT ATAATAGAAG AATTATGTTT CGAAATATCT TTATCACTTT	5340
	AAAATGATAT ACAAGAAATC CAAGAAAAAT AAGCGAACTG AATAAATAAA GATTCAATTA	5400
15	ACGCATCAGT ATTAGGATTC ACTCTAAAAC GATTAATAGT TTTATAAGAA GGTGTTTGAT	5460
	CTTGAGCTAA CCACATCATT CGAATACTGT CATGAAGTAA TTTCTCTATT CTACGACCAG	5520
	AAAATACAGA TTGAGTATAT GCATATAAGA TGATTTTAA CATCATCTTT GGATGATAGG	5580
20	ATGTTGCGcC ACGATGATGT CTGAATTCAT CGAATTGCT ATCAGGTATC GTTTCAACAA	5640
	TTTCATTAAc ATGTCGCGAA ATATCATTTT GAGGAATTCT AACAGAAGTT TTTATTGGTA	5700
	GTGTAAGTTG GGCAAAGTGT CTTATTTTTT TAAAGTATTT CAAAGTAAAA TTACATGTTA	5760
25	ATACGTAGTA TTAATGGCGA GACTCCTGAG GGAGCAGTGC CAGTCGAAGA CCGAGGCTGA	5820
	GACGGCACCC TAGGAAAGCG AAGCCATTCA ATACGAAGTA TTGTATAAAT AGAGAACAGC	5880
	AGTAAGATAT TTTCTAATTG AAAATTATCT TACTGCTGTT TTTAGGGAT TTATGTCCCA	5940
30	GCCTCTTACT CTAATTATAT TCACTATCAA TTAGACAAAA TGGCCATTTT CAAATATCAC	6000
	GCGTTGTTTT TGACCTTGAA TATATTTATT ATAATTCTCT TTTGAAAAT CAGTTAACAT	6060
35	TAATTTAGAT GTACCGTATT TTAACACTTT TTGCATTGTT TCTATTCTCA TTTTCTAAA	6120
	TAACCATCCA TCTTTTAACA CAATACGATT AACAGCATCA TATGATAATT CTACTGTTTC	6180
	TTTAATTTCA AATGTCTTGA ATGAAATAAT CGTGACATT AAAACGTAT CACCAAAGTA	6240
40	ATAAACATCT AAATCATCAC GTTTATGTTG TCCAACCTAAC AAACGACCAT ATTCGAACCTC	6300
	TTTTTCTGGA TATTTCAATT CTAAAAACT AATAATCTCT TCTTCTTTTA ATTTGAATTG	6360
	CATTTAAAAA CATCCTCTCT TAAGTTTTAA CAAGCCTTAA TTAAAAATTT TTTCAATCAC	6420
45	ATAGTTCAAT ATACATCATT TCGTTATGTT TTTTAATACT TTGTTCAAAA ACAAATATTT	6480
	TATTCTTTAA AATAATGACT TTTGTATTTT TAATCACAAT AAACATTTTA AAATTCTTGT	6540
	TATCATAATC ATTAAGAGGT ATTAACCTTA ATAATATATT CTCTCGTCTC AACCTTAATC	6600
50	GTATACTTCA GACGTCTGTT TGTAGACAAT AAAAGTCATT CACGTCTTCA TATGTCATCA	6660
	AATGTTTATC ATGATATGAT GAATATAATA ATCGGGTATA TAACTGTATG ATTAATTACA	6720

55

	TGGTGTATCA GTTACAACGTG TGTCACATAT TTAAATCAT AATGATAGTC GTTTTTCCGC	6840
	AACAACGATA AAAAACGTAC ATGCTGTTTC AGAACGTTTA GGCTATGCCC CTAATAAACA	6900
5	TGCAAAACAA TTGCGCGGCA GTAAAATTCA AACTATTGGC GTCATTTTGC CTAGCTTAAC	6960
	AAATCCGTTT TTCTCAGCAC TGATGCAAAG TATTCATGAC CATAAACCAT CTGATGTTGA	7020
	TTTATGCTTT TTAACATCTA CAGCAACTGA TTTGTATGAC AATATTAAAC ATTTAATTGA	7080
10	TCGAGGTATT GACGGATTAA TTATCGCACA ATACATATCA TCCCCGGACG CCCTAAATAA	7140
	CTATCTAAAG AAACATCATG TACCTTATGT CGTACTGGAT CAAAATGACC ATCAAGGCTA	7200
15	TACAGATTTT GTTCGGACAA ATGAATATCA AGGTGGACAA CTTGCAGCAC AACATTTAAT	7260
	AGAACTCGGT CACAACCATA TGATAATTGT TGCACCATAT GACATGATGG CGAATATGTC	7320
	GACTCGTGTC GCTGGATTTG TCGATACTTT GCGCGCGAAT CAATTGCCAG AACCACAAAT	7380
20	CGTCCATACT GAATTATCTA AGCGCGGTGG GCTAACCATT GTTGATGACA TCATGGTTCA	7440
	ATCTGCCACT GCAATCTTCG CTATTAAACGA TGAACCTCGT ATTGGCATT TACGAGGACT	7500
	AATTGAACAT GGCATCAGTA TCCCGAAAGA TATCTCATT AATAGTTATG ACGACATTGA	7560
25	TTATGCAGCG TACGTCTCGC CACCTTTAAC TACTGTGGCA CAACCTATAA CTGATATTGG	7620
	CAAAACATCT TTAACCTTAT TACTTCAACG ATTACAGCAC TTAGATAAAT CCATTGATAT	7680
	GATTGAATTA CCAACGACTT TAAAAATTCTG TGCAACAACCT GGCTATCATC TTTCAAACCTA	7740
30	ACTACGTATC TTCCGAAATA TACTCATCAT TGTTAGGCCC TTAGCGTTGC TTTAATGCTG	7800
	AGGGTTTTTA ATCATAATTA TTTTACTAAG AAATTAAAT AATAATGTAT GAATTTTTAA	7860
35	ATATGATTTA AACGTTTTCA GTTTTATGA AAACGCATGC ATTTTACAAA TAAAAATGGT	7920
	ACGATGGCAC TGGTAAAACG TTTTACTAAA AACAAATCAT GAGGTGTATA ACATGAGCAT	7980
	TGTTGCAITTA CTTATCGGGT TAGGCCCTT AATTGGCTGG GGCTTCTTCC CAACAGTCGC	8040
40	TTCAAAGTTT GGTGGTAAAC CTGTACATCA AATTATCGGT GCTACTGTAG GTACGTTAAT	8100
	CTTCGCTATT TTATTAGCCG TAGTCACATC AAGTGGCTTC CCTACTGGAA CCAATTTGCT	8160
	ATTGCGCTTA TTATCAGGTG CAGGATGGGG ATTCGGACAA ATCATTACAT TTAAAGCGTT	8220
45	CGAATTAGTC GGCTCATCTC GTGCCATGCC AGTCACAACA GCATTCCAAT TATTAGGCGC	8280
	ATCTTTATGG GGTGTCTTTG CATTAGGAAA TTGGCCAGGC ATTGGTCATA AAATCATTGG	8340
	ATTTACAGCT TTAGTCGTTA TTCTAATTGG AGCGCGTATG ACAGTTTGGA GTGAACGCAA	8400
50	AGAAGCAAGT AACGCCAAAA ATTTACGTCG TGCAGTGGTA CTTCTGTTAA TTGGTGAATT	8460
	TGGATACTGG TTATATTGAG CTGCACCGCA AGCAACTTCT ATTGATGGCC TAACTGCCTT	8520

55

	AGCAGAGAAT CCATTCCGTA ATAAAATTAC GTGGTTACAA ATTATTTTCAG GTTCTTCTT	8640
	TGCATTTGGT GCTTTAACAT ATCTTATTTT AGCACAACT AATATGAATG GTTTAGCAAC	8700
5	TGGATTTTATT CTTTCTCAAA CATCCGTTGT GCTTGCTACA TTAAGTGGTA TTTATTTCTT	8760
	AAAACAACAT AAAACGTCAA AAGAAATGGT TATTACAATC ATCGGCTTAG TACTCATTTT	8820
10	AGTAGCCGCT TCTGTTACAG TATTTATAAA ATAAGGAGTG TAGATGTCAT GAAAAATCA	8880
	GCTGTTTTAA ATGAACATAT TTCAAAGCA ATCGCGACAA TTGGTCATTT TGATTTATTA	8940
	ACGATTAATG ACGCTGGCAT GCCAATCCA AATGATCATC GTCGTATCGA CCTAGCTGTA	9000
15	ACTAAAACT TACCACGCTT TATTGATGTC TTAGCTACAG TGTTAGAAGA AATGGAAATC	9060
	CAAAAAATAT ACTTAGCAGA AGAAATAAAA GAACATAACC CTACACAATT GCAACAAAT	9120
	AAACAATTGA TTTCATCGGA AATCGAAATC ATTTTCATTCT CTCACGAAGA AATGAAAAGT	9180
20	AACCTAGCTC ACCCATTTAA TAAAGGTAAT ATTCGTACTG GTGAAaCAAC GCCCTACTCT	9240
	AATATTGCAT TAGAATCGAA TGTTACTTTT TAAAGTTAT AACTTGAAAG GAGCGTACAC	9300
	ATGACCAACA AAGTTGTTAT TTTAGGTTCA ACGAATGTCG ATCAATTTTT AACAGTTGAA	9360
25	AGATATGCAC AACCAGGCGA AACATTACAT GTTGAAGAAG CACAAAAGC ATTCGGCGGA	9420
	GGTAAAGGTG CCAACCAGGC TATTGCCACT GCACGCATGC AAGCAGACAC AACATTTATT	9480
30	ACTAAAATTG GCACTGATGG CGTTGCTGAT TTCATCTTAG AAGATTTTAA AGTAGCTCAT	9540
	ATTGATACAT CATATATTAT CAAAACAGCT GAAGCAAAAA CGGGCCAAGC CTTTATCACT	9600
	GTGAATGCAG AAGGACAAAA CACCATCTAT GTTTATGGTG GTGCGAATAT GACGATGACA	9660
35	CCTGAAGATG TTATTACGC AAAAGACGCT ATAATCAATG CAGACTTTGT CGtTGCACAA	9720
	TTAGAAGTAC CCATCCCGGC TATTATATCT GCATTTGAAA TTGCCAAGGC ACATGGTGTG	9780
	ACGACAGTAT TAAATCCTGC ACCAGCGAAA GCATTACCTA ATGAATTATT ATCATTAATC	9840
40	GATATTATTG TGCCAAACGA AACAGAAGCC GAATTGTTAT CTGGGATTAA AGTAACTAAT	9900
	GAACAATCTA TGAAAGACAA TGCCAATTAC TTTTATCTA TAGGCATTAA GACTGTTTTG	9960
45	ATTACGCTAG GTAAGCAAGG TACATATTTT GCTACTAAAA ATCAAAGCCA ACACATCGAA	10020
	GCTTATAAAG TAAATGCGAT TGATCAACT GCTGCAGGCG ACACATTTAT TGGTGCATTT	10080
	GTCAGTCGCT TAAACAAGTC GCAAGATAAC TTAGCAGATG CTATTGATTT TGGTAATAAA	10140
50	GCGAGCTCAC TCACTGTACA AAAACACGGC GCGCAAGCAT CTATTCCTCT ACTAGAAGAA	10200
	GTAAATCAAG TTTAAATGAA TCAAACACAG CTATGATATG AAGGTTTAGC ATATAACATG	10260
55	CAACATTCGT ATATCATGGC TGTGCTTTTT TATCTTTATA AAACATCATC TATTAGAAAT	10320

TTTGTAATCT TTTTAACTTC CAAATTaTCG CATATAAATA TGCTATATTA ATGATAATAA 10440  
 TTATCAATTA AAAGGAGGTT ATGCTATGTC TAAAGAAGCT GGTCATACAT TTTTAGCTAA 10500  
 5 ATTAGGAAAA ACTCGTCTAC GCCCCGGTGG TAAAGAAGCA ACAGATTGGT TAATACAACA 10560  
 AGGGGCATTT TCACAAGATA AACAAAGTGT AGAAGTGGCA TGTAATATGT GCACAACATC 10620  
 TATTTATCTA GCTCATACAT ATGGCTGTCA CATTCAAGGC GTTGATATAA ATAAGAAAGC 10680  
 10 ATTAGAAAAA GCACAGGAAA ACATTCAGC AGCAGGTCTT GAATCATATA TTCAAGTTCA 10740  
 ACAAGCGAAT GCTGTTAAAT TGCCCTTTGA TGACAATCAA TTCGATATCG TTTTAAATGA 10800  
 15 AGCAATGTTA ACAATGTTAC CCATCGCCAT AAAGGAAAAA GCATTACGCG AGTACTACCG 10860  
 AGTCTTAAAG CCTGGGGGTA TCTTGTTAAC ACATGATATT GTCATCGTTA ATGAATCACA 10920  
 TGCCACACAT GTTGTTAAAT CATTATCTGC AGCAATTAAT GTCAATGTCT CACCGCAGAC 10980  
 20 GAAACTTGGC TGGTTAGATT TATATAATCA AGCTGGTTTT AATCATGTGC ATTATCATAC 11040  
 TGGTCCAATG AGTTTAAATGA CACCAAAAGG TTTAATTTAT GACGAAGGTA TTGTTGGAAC 11100  
 TATAAAGATT ATCAACAATG CTTTGAAAAA AGAAAATCGA CCAATGTTTT GTAAAATGTT 11160  
 25 TAAAACGATG ACTAAATTGC GTAAAGATAT GAATTATATT ACTTTTGTCTG CTAAAAAAGA 11220  
 GCACTAAATA TAATGCCACT AACTGTACTT TGTATCTATG TTTGACTATC ACTTTAATTT 11280  
 CTTTGTGACA CTAATCATCT ACTTAACAAT ATCGTTATCG TTGATTAGTA AGTCATCAAT 11340  
 30 TTTGGTTAAA GACTTTCATA AACACTCAAA CATTAACTACT ATACATAGTT AGTGGcATTA 11400  
 TTTTTTCTn AAAATTTTAA CmTcMCGGGr TtGGGAmCrG AAaTGrtAWT TcGCrmAAaT 11460  
 35 TAWTcT 11466

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 445:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2176 base pairs  
 40 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 445:

TTACATAGTT AACACTAGTT AATCTATTAG TTAACATTAG TTAATAATTA GTTAATTTCC 60  
 ATTTGTATTC TCATGTGATA AATTCTAAAA GCATACaATA AATTTAATAT GTAAAAAGAA 120  
 50 AGGGAATACA CATGAAAAAT AAATATATCT CGAAGTTGCT AGTTGGGGCA GCAACAATTA 180  
 CGTTAGCTAC AATGATTTCA AATGGGGAAG CAAAAGCGAG TGAAAACACG CAACAACTT 240

55

	AAGTATTACA TCTAAAAGGT ATCACAGAAG AACACGTAA CCAATACATC AAAACATTAC	360
	GCGAACACCC AGAACGTGCA CAAGAAGTAT TCTCTGAATC ACTTAAAGAC AGCAAGAnCC	420
5	CAGACCGACG TGTTCACAA CAAAACGCTT TTTACAATGT TCTTAAAAAT GATAACTTAA	480
	CTGAACAAGA AAAAAATAAT TACATTGCAC AAATTAAAGA AAACCCTGAT AGaAGCCAAC	540
	AAGTTTGGGT AGAATCAGTA CAATCTTCTA AAGCTAAAGA ACGTCAAAAT ATTGAAAATG	600
10	CGGATAAAGC AATTAAAGAT TTCCAAGATA ACAAGCACC ACACGATAAA TCAGCAGCAT	660
	ATGAAGCTAA CTCAAAATTA CnTAAAGATT TACGTGATAA AAACAACCGC TTTGTAGAAA	720
15	AAGTTTCAAT TGAAAAGCA ATCGTTCGTC ATGATGAGCG TGTGAAATCA GCAAATGATG	780
	CAATCTCAA ATTAAATGAA AAAGATTCAA TTGAAAACAG ACGTTTAGCA CAACGTGAAG	840
	TTACAAAGC ACCTATGGAT GTAAAAGAGC ATTTACAGAA ACAATTAGAC GCATTAGTTG	900
20	CTCAAAAAGA TGCTGAAAAG AAAGTGGCGC CAAAAGTTGA GGCTCCTCAA ATTCAATCAC	960
	CACAAATTGA AAAACCTAAA GTAGAATCAC CAAAAGTTGA AGTCCCTCAA ATTCAATCAC	1020
	CAAAAGTTGA GGTTCCTCAA TCTAAATTAT TAGGTTACTA CCAATCATTA AAAGATTCAT	1080
25	TTAACTATGG TTACAAGTAT TTAACAGATA CTTATAAAAG CTATAAAGAA AAATATGATA	1140
	CAGCAAAGTA CTACTATAAT ACGTACTATA AATACCAAGG TGCGATTGAT CAAACAGTAT	1200
	TAACAGTACT AGGTAGTGGT TCTAAATCTT ACATCCAACC ATTGAAAGTT GATGATAAAA	1260
30	ACGGCTACTT AGCTAAATCA TATGCACAAG TAAGAACTA TGTAAGTGAG TCAATCAATA	1320
	CTGGTAAAGT ATTATATACT TTCTACCAA ACCCAACATT AGTAAAAACA GCTATTAAAG	1380
35	CTCAAGAAAC TGCATCATCA ATCAAAAATA CATTAAGTAA TTTATTATCA TTCTGGAAT	1440
	AATCAATCAA AAATATCTTC TCTAGTTTTA CATCATTTTT TAAATAATTT TCGTAACAAA	1500
	CCGTGATTAA AAAGAACCGT TGATTCTCAA TCGAATCTAC GGTTCTTTTT TCATTTTCCA	1560
40	TCAATTAAAT GCTTCTTCGC TATTTGTCAG CCCACTTTTT TACCTGCAAC TTGTTAAATA	1620
	ATCCTTACAT CGTTAACGAA TAGTTCATCA TTTAGTTGAA TCAGCTCAAC TTTATTAAC	1680
	TCATATTTTC ACAAACTATT GCGCAATCCA TTCCTTTTCC ACTACAAGCA CCATAATTAA	1740
45	ACAACAATTC AATAAAATAA GACTTGCAAA GCATAGTTAT GTAGCTATAT AAACGCCTGC	1800
	GACCAATAAA TCTTTTAAAC ATAACATAAT GCAAAAACAT CATTTAACAA TGCTAAAAAT	1860
50	GTCTCTTCAA TACATGTTGA TAGTAATTAA CTTTTAACGA ACAGTTAATT CGAAAACGCT	1920
	TACAAATGGA TTATTATATA TATGAACTTA AAATTAAATA GAAAGAAAGT GATTCTATG	1980
	ATTAAAAATA AAATATTAAC AGCAACTTTA GCAGTTGGTT TAATAGCCCC TTAGCCAAT	2040

55

CmTyCAAaRG AcACaGACAT TACTAGCCAA CGATTTAGCT ATnACTCCAA ACCTTCCATT 2160  
 GGATTGGTA AAGGnT 2176

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 446:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1557 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 446:

AAAAGCATGG CTTAAATGAA GTACGCTATA ACAAATTACA AGAACATGCT ATTGTTATGC 60  
 ATCCGGCACC TGTGAATAGA GGAGTAGAAA TACAAAGCGA TTTAGTAGAA GCTTCAAAAT 120  
 CAAGAATTTT TAAGCAAATG GAAATGGCG TTTACTTAAG AATGGCAGTC ATTGATGAAT 180  
 TATTAAAATA GGTAAGGGGA CGAAAATGAT GAAATTAATT AAAAACGGTA AAGTATTACA 240  
 AAATGGCGAA TTACAACAAG CAGATATTTT AATTGATGGT AAGGTAATTA AACAAATTGC 300  
 ACCTGCAATT GAACCAAGCA ATGGTGTTGA CATCATAGAT GCGAAAGGTC ACTTTGTGTC 360  
 ACCTGGATTT GTCGATGTTT ATGTTCAATT ACGTGAACCT GGTGGTGAAT ATAAAGAGAC 420  
 AATTGAAACT GGTACTAAAG CTGCTGCTAG AGGCGGATTT ACAACTGTAT GTCCAATGCC 480  
 TAACACAAGA CCGGTACCAG ATTCTGTAGA ACATTTTGAA GCTTTACAAA AATTAATCGA 540  
 TGACAATGCT CAAGTACGTG TATTACCTTA TGCTTCAATT ACAACACGTC AATTAGGTAA 600  
 AGAATTGGTT GATTTCCAG CACTAGTAAA AGAAGGTGCC TTTGCGTTTA CAGATGACGG 660  
 TGTAGGAGTA CAACTGCAA GCATGATGTA TGAAGGCATG ATTGAAGCTG CAAAAGTAAA 720  
 CAAAGCCATC GTAGCACACT GTGAAGATAA TTCATTAATC TATGGTGGTG CAATGCATGA 780  
 AGGGAAACGC AGTAAAGAGT TAGGTATACC AGGTATTCCA AACATTTGTG AATCTGTTCA 840  
 AATCGCAAGA GATGTACTAT TaGCTGAAGC AGCAGGTTGT CATTATCATG TATGTCATGT 900  
 TTCTACTAAA GAAAGTGTTA GAGTCATTCTG TGACGCTAAA CGCGCAGGCA TTCATGTTAC 960  
 AGCTGAAGTT ACACCACACC ATTTATTGTT AACAGAAGAT GATATTCCTG GTAATAATGC 1020  
 CATTTATAAA ATGAATCCAC CATTGAGAAG TACTGAAGAT AGAGAGGCTT TGTTAGAAGG 1080  
 GTTACTAGAC GGTACAATTG ACTGTATCGC AACAGAcCAT GCACCACATG CACGTGATGA 1140  
 AAAAGCACAA CCAATGGAAA AAGCaCCATT CGGAATTGTT GGTAGTGAAA CAGCATTCCC 1200  
 ATTATTATAT ACGCATTTTG TAAAAAATGG TGATTGGACA TTACAACAAT TAGTAGATTA 1260

TTATGCAGAT TTAACAATCA TTGATTTAGA TAGTGAACAA GAAATTAAAG GAGAAGATTT 1380  
 CTTATCAAAA GCAGATAATA CACCATTTAT CGGCTATAAA GTTTATGGAA ATCCGATCTT 1440  
 5 AACAAATGGTT GAAGGCGAAG TTAAATTTGa GGGGGATAAa TA-TATGCAA gCAAACGTTA 1500  
 TCTAGTGTTA GAAGACGGTC TTTTACGAGG CTACCGTTAG GTCTGATAAC TTA CTGA 1557

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 447:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1799 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 447:

GCTAGAAATm TTGmATGaCA ATACAACCTCT GTTAAaATGA TGGACGTAGA CAAATATGCG 60  
 TATTGACGCT TTATTTTAAa AATTaACATG CTTATAACAT GTTTATAGAA GGAGATTAAC 120  
 CTATGAAC TAaAGTTCTT TTATATTATA AATATATGAC GATTGATGAC CtGAACAGTT 180  
 25 TGCTCAGGAT CACTTAGCCT TTTGTAAAGC ACACCATTTA AAAGGTAGAA TTCTTGTTTC 240  
 TACAGAAGGT ATTAACGGCA CATTATCTGG TACAAAAGAA GAAACCGAAC AATATATGGC 300  
 ACATATGCAT GCCGATGAAC GATTCAAAGA TATGGTGTTT AAAATTGATG AAGCTGAAGG 360  
 30 ACATGCTTTT AAGAAAATGC ATGTACGTCC TCGAAAAGAA ATCGTTGCTT TAGATTTAGA 420  
 AGATGACGTC GATCCAAGAC ACACAACCTGG CCAATATTTA TCACCTGTAG AATTTAGAAA 480  
 AGCTCTTGAA GATGATGACA CAGTCATTAT TGATGCACGT AATGATTATG AATTTGATT 540  
 35 AGGTCATTTC CGAGGTGCAA TTCGTCCAAA TATCACACGT TTTAGAGATT TGCCTGACTG 600  
 GATTAAAGAG AATAAAGCGT TATTTGCAGA TAAAAAAGTG GTTACGTACT GTACTGGTGG 660  
 CATTGATGC GAAAAATTTT CTGGATGGCT TTTAAAAGAA GGTTTCGAAG ATGTAGCTCA 720  
 40 ACTTCATGGC GGTATTGCTA CATATGGTAA AGATCCTGAA ACAAAAGGTG AATATTGGGA 780  
 CGGTAAAATG TACGTATTTG ATGACCGTAT CAGTGTTGAT ATCAACCAAG TTGAAAAnAC 840  
 AATTATTGGT AAGGATTGGT TTGATGGCAA ACCATGTGAA CGTTATATTA ATTGCGCTAA 900  
 45 CCCAGAATGT AATAAACAAA TATTAGTTTC TGAAGAAAAC GAACTAAAT ATTTAGGTGC 960  
 ATGCTCTTAT GAATGTGCTA AACATGAGCG TAATCGTTAT GTTCAAGCAA ATAATATTAG 1020  
 50 TGATAATGAG TGGCAACAAC GTTTAACAAA CTTTGATGAT TTACATCAAC ATGCTTAGTT 1080  
 TTAATTAAAT ACCTTTCAAA ACACGCTTTG AAAATCCGAT TTATAAAGGT TTTTCAAGGC 1140



EP 0 786 519 A2

TAAATTTTAA TACTGCGGGG TGTCTTAAAA TGCACATTTT AGTAACAGGG TTGCGCCTT 1260  
 TTGACAATCA AAATATCAAT CCCTCATGGG AAGCTGTGAC TCAACTAGAA GATATTATTG 1320  
 5 GCACACATAC AATCGATAAA TTAAACTAC CAACCTCTTT TAAGAAAGTA GATAATATTG 1380  
 TAAATAAAAC GTTGGCATCT AATCATTATG ATGTTGTACT AGCTATAGGA CAAGCTGGTG 1440  
 GTAGAAATGC CATTACCCCA GAACGTGTCG CCATTAAATAT TGATGATGCA CGTATTCCAG 1500  
 10 ATAATGATGA TTTTCAACCT ATTGATCAAG CCATTCACTT AGACGGTGCG CCAGCTTATT 1560  
 TTTCAATTTT ACCaGTTAAA GCAATGACTC AAAGTATTAT TAATCAAGGA CTTCTGGAG 1620  
 CACTTTCAA TAGCGCAGGT ACATTGTTT GTAATCACAC ACTTTATcAC TTAGGTTATT 1680  
 15 TACAAGATAA GCATTACCTT CACCTACGAT TCGGATTAT TCaTGTGCCA TACATACCAG 1740  
 AGCAGGTcAT TGGTAAACCC GATACACCAT CTCATGnCCA TTGAGGAAAA GATnAGTTG 1799

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 448:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1341 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 448:

ACTTGGTTTT TTATTGTTTA TAAATAAAAC TCACTTAATA ATGTTTTTCAT AATCTTCTTC 60  
 GACTACTTAA TTCTTTAAGA TATTCGTGAA AAGAGACATT ACACTAGTTA ATTTTCAAAC 120  
 AATACAAAAA GCGTCTACCT CCTACATATA ATTGTAGCGG AGATAGACGC TTAATATTTA 180  
 35 TTTAAAAATT ATTTTAAACC ACCGAATGTC ATAACATCAC GGGCAATCAT ACTTTCTTCA 240  
 TCTGTTGGAA TAACGACAAC TTAACTGGT GAATGAGGAT AGTTAATAAA TCCTTCTTTA 300  
 CCACGTAGTA AGTTTTCATT TTTCTTAGGA TCCCAGTAAA CACCATAAA TTCTAAGCCT 360  
 40 TCAAGAACTT TCGCACGAAT TTCTACTGAG TTTTCACCGA TACCTGCTGT AAATACGATA 420  
 ACATCAACAC CATGCATTCT CGCAGCATAT GATCCAATAT ATTTGTGAAT TTTAGAAGCA 480  
 AATACATCTA AAGCCATTG TGAACGTGCT TTACCTGATT CAGCTTCTTC TGATAAGTCA 540  
 CGTAAATCAC TAGATGTACC TGATAATCCT AATAAACCTG ATTCTTTGTT TAAGATTTCC 600  
 AATACTTGTT CAGCAGTTT ACCTGTTTTT TCCATAATAA ATGGAATTAA AGCAGGGTCA 660  
 50 ATATTACCAG AACGAGTACC CATTGTTACA CCAGCAAGTG GTGTGAAGCC aTTGATGTAT 720  
 CAATAGATTT ACCGCCATCG ATAGCTGCAA TTGATGCTCC ATTACCAATG TGACATGAAA 780

TATGGCTTGT ACCATGGAAA CCATACTTAC GAATGCCATA ATCTTTATAA TAATGATATG 900  
 GCAAGCTATA TAGATATGCT TTTTCAGGCA TTGTTTGATG GAATGCTGTA TCAAAAATTG 960  
 5 CCACATGAGG GATATTTGGT AATAATTAC GGAAAGCACG AATACCCATC AAGTTaGCTG 1020  
 GGTTGTGaAG CGGTGCTAAT TcGCTTAATT CTTCAATTC CTTTTCAACC TCATCAGTAA 1080  
 TAGCTACTGA TTCAGGGAAT TTTTCACCAC CATGTACAAC ACGGTGACCT GTTCCATCGA 1140  
 10 TATCGTTAAT ATCATTAAATA ATATTGTGCG CTTTAAAAGC ATCCAACATG ATATCAACTG 1200  
 CCTCAACGTG ATCCTTGATA TCTTGACTG TTTTAACTTT TTCCCCGTTG ACTTCAATTG 1260  
 TAAAAATTGA ATCCTTCAAT CCGATTCTTT CTACTAAACC TTTTGTTACT AATTCCTCTT 1320  
 15 CAGGCATTCT AATTAATTGA A 1341

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 449:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1529 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 449:

TTTTGAAGAT ACTACCGATG AAAATAGACA AAAGATTTTT CAATATTTAT CACCTGAaG 60  
 30 AGTTGCAAAT TTCTTTGATC AATTAGATAT TGATGACGAT GAATATGAGT TGCTATTTGA 120  
 TAAGATGAAT GCGACATACG CAAGTCACAT ATTAGAAGAA ATGTCATACG ACAATGCAGT 180  
 AGATATTTTA AATGAGTTGA CTAAACCAAA AGTTGCTAGT CTTTAAACAT TGATGAATAA 240  
 35 AGATGACGCG AATGAAATCA AAGCATTACT TCACTATGAT GAGGATACGG CCGGCGGTAT 300  
 TATGACGACG GAgTATTTAT CACTTAAAGC GCATACGCCT GTTAAAGAAG CATTATTATT 360  
 GGTCAAAGCG CAaGCACCAG ACGCAGAAAC AATATATGTT ATATTTGTCTG TTGATGATGA 420  
 40 TGGTAAATTA GTAGGTGTTT TATCGCTAAG AGATTTAATT GTAGCTGAAA ATGATGCTTA 480  
 TATTGAAGAT ATTATGAATG AACGTGTCAT TAGTGTGAAT GTAGCAGACG ACCAAGAAGA 540  
 TGTTGCTCAA GTTATGAGAG ACTATGATTT CATGGCTGTA CCTGTTATAG ATTACCAAGA 600  
 45 ACATTTGCTT GGTATCATCA CGATTGATGA TATTTTAGAC GTTATGGATG AAGAGGCTAG 660  
 TGAAGACTAC TCTCGTTTAG CCGGGGTATC AGATATCGAT TCGACTAATG ATTCAATCAT 720  
 50 TAAAACAGCA TTAAAACGTT TACCATGGTT GATTATTTTA ACATTTTtag GAATGATTAC 780  
 TGCGACAATT TTAGGGAGAT TCGAAAAAAC ATTAGAAAAT GTAGCGCTAC TCGCAGCGTT 840

TCGTAACATT ACGACAGGGG AAATTAATGA GCAAAGTAAA TTTAGAATTG CATTAAAGAGA 960  
 AGCAGGAAGT GGTGTATTAT CGGGTGTGTG ATGTTCAACA ATATTATTTA CAATTATTGT 1020  
 5 TGCAATATAT CATCAGCCAC TTTAGCATT AATCGTTGCA GGAAGTTTAA CTTGTGCGAT 1080  
 GACGGTGGGG ACGTTTGTAG GTTCGATGAT TCCATTATTG ATGAATAAAT TAAATATCGA 1140  
 TCCAGCAGTG GCTAGTGGAC CATTIATTAC AACAAATTAAT GATATTATTA GTATGTTGAT 1200  
 10 TTATTTTGGT TTAGCTACAT CATTIATGGC TTACTTAATT TAAGGAGGAG TTATGGAGTT 1260  
 TTTATCTTTA GTTATTGTTG TTTTAGCAGC GTTTTAACT CCAATAATTG TCAATCGATT 1320  
 AAATATTAAT TTCTTGCCAG TTGTTGTTGC AGAAATTTTG ATGGGGATTG TGATTGGAAA 1380  
 15 TTCATTTCTA AATATAGTAG AAAGGGATTG AATTCTAAAT ATTTTATCAA CGTTAGGCTT 1440  
 TATCTTTTAA ATGTTTTTAA GTGGTTTAGA AATTGATTTT AAAGCTTTTA AAAAAGATAA 1500  
 20 ACGCGCACGT CAAGGACAAA ATGATGATG 1529

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 450:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 450:

TTCTGGAAAC CAAAGTATTG TCATCTTCTA CTAGTAGTAT nGGCATCCAT ATCACCCAAT 60  
 ATCATTTAGT ATATTTTATA TTTTCTCCTG ATTTTAAATCG ACTTTGAAAA TCTTTAATCC 120  
 35 GGCAGTCAAC TTCAAAGCCA TGAATCATCA TTTTGTGCAT TGGTGCTTGT ATAAAGTAAT 180  
 AAATCGGCCA AAATAATCGA GGGATATAAT CGTATAGATG TATATAAAG ACTGCCGACT 240  
 CTTTGATTAA TCTAAATTCT AACTTCCCTT GATTAACTGT ATATTTTTTC ACTAAACTTC 300  
 40 CACTCAATAA AATTAAAGTT ATTATTCCAT CAGCTGTTTC TTCTATTTTA AATACTGCGA 360  
 GCGGTGCGAC CTTATTCTTA ATATATATCT TAAATTGATC ATGTGATTTT TCTGTTTTCA 420  
 45 CAAAGTTTCC TTTAGTGTA CCCATCCATG CAATAAAATG GTTTACAACG TTCTTTAATG 480  
 TCCATCCCTT TGGTAAAACT ACCTTCATCG TTGATCTAAC ATCATCATAC TTGAAACTT 540  
 GTAATTCTAC ATTAATAAAA GAACGTTTAA AACTAAATT TGTGTTTCT ACAGGTGTAC 600  
 50 CATATGCACC TAGGCGTTCA ATTGTTTCAT TATCATAACG ACTCCCAGGT ATGTAGATTA 660  
 CTTTTTTTAC TTGATTGATA GCCGCTGCTC GACCAAAATT ATCTGCTGCG ATTAATGTTA 720

	CAGCAATATC TATTTGATTC ATTGCTGCAA CAACCTGTTC GTAATGAAAT ATATCACACT	840
	GAATCCAAGT CATTTCAACA TCATCTGTTT KTTTATTGTC TGGATATTTT GATATAGCAA	900
5	AAAGTTCAGC ATCATTTTCA ATCACTTCAC TTAAATACTT ACCAATATAT CCTGTTCCAC	960
	CTGCTAATAA AACTTTAGGT TTCTCTAAA ATACTCCTTT AAACTGTAAC CAAAAACAT	1020
	ATTACTCCAC CTTTtagTTA CATATATATT ATAATAGTAG CAAATGTTTT AAAATTTCAA	1080
10	AATACTGGAG GCTTTTATG GCCCATATTA TACGTAGAGT TAGTATCAAA GATGTAGAAA	1140
	ATTCATTTT AATGTTAGCG AACATATACG ACGAATCTCC GTATATGTTC TACACACCAG	1200
	GAGAATATGA TCCTAGCGTC ACATCGGCTA GTAAACAATT AGAAGAATAT ATCACTTCTC	1260
15	CGCATAAAGT CATCTTCGTT GCTGAAAGTG ATGAACAACCT CGTTGGCTTT GCCTTTGTTA	1320
	ATACGACACC ATTTCAACGC ATTAAACATG TTGCTAAAAT TGATTTAGGT GTAAAGAAAT	1380
20	TATATCAACA TCGTGGAATT GGCCAAGCAC TTCTTGATGC CATTATGGCT TGGTGTTTAA	1440
	ACAATCAAAT ACACCGAATT GAAGCAAATG TACCACTCAA TAACCAACCT GCCCTCGAGC	1500
	TTTTTAAAAG TGCCGATTTT CAAATCGAAG GCGTTTTAAA AGATAAGTTA TTTATCGATG	1560
25	GTAAATATTA TGATGACTAT ATGATGGCTA AAATTCTTAA TTAAAGCTAT TTTATCATAA	1620
	TCTTGATCA GAATCGTATA ACAACGAATT TAATGGTTAC CTAATACATT ACTCATACTT	1680
	ATCAATGTTA TCTAATCTCA AATAAATACG TACACTCTTA TTCATTTATC AAATTTAAAT	1740
30	TCAAAATANA ACACCACTAA TGTGTAATTG ATTAACTATC AACTACGATT AGTGGTGCTT	1800
	TATATATGTG GTTAGTTTTT CThACTA	1827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 451:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 616 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 451:

45	ATATAGATTa ATGTTTGTTA TTGTACTGT GTTGCCAGT GACATTTATT ATAAAACATA	60
	TGACGTTATT CTATGktGTA CTCATTtTCT ATATTGTAGG TTTATTAACG ATTAGAAGTA	120
	TTATTAAAAA GTTGAAATAT CAGGAAACAT TATTACGAGA CTAAAAAACT TCCATTGGCA	180
50	TGTATGTTGT AAAGGTGCAT GTAATGTTGA ACGCCAAATG ATACGGCGTT CAGATTACAT	240
	TAGCATCTAT ACGTTAACAG CATAACCAAT GGAAGTTTTT TCGAATCTA TTCTTTTATT	300

AATGCGTCTT TTGAAAAATG GTCATTAAAG GCATCAGATT GCTTAAAGTC TTCGTATGCA 420  
 TGTCGATCAG CAAATCCGAA ATAAATTTTG TATGTTGTAC CTTTAGCAGG TCTTAACAAA 480  
 5 CGATAGCTTT TAAAGCCACC AAAGTTTCTG AAATTATCGT CTACACTAAT CAGTTTCTTT 540  
 TCAAGTTGAT ATGCATGATC TTCTGTTGAT GGaATGAAGa TTGCACaATA GAAATGaTGT 600  
 TCACTGAATT CACCAA 616

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 452:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 944 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 452:

GCACGAGTGA TTAAACGGTT AATCAATGAA ACATTTGATG CAAATTACAT TGAAGTTATT 60  
 GAGGGAGGAA TTGAAGAAAC GCAAACGTTA ATTCACTTAC CTTTTGACTA TGTCTTCTTT 120  
 25 ACAGGAAGTG nAAATGTAGG CAAAATCGTT TATCAAGCTG CCAGCGAAAA TTTAGTTCCT 180  
 GTGACATTAG AAATGGGCGG TAAAtCTCCa GTCaTCGtTG ATGAAACAGC GAATATTAAA 240  
 gTTGCTAGTG AGCGCATTTG TTTTGGGAAA TTCACTAATG CCgGCCaAAC ATGTGTTGCa 300  
 30 CCAGATTACA TTTTAGTACA CGAATCTGTA AAAGATGATT TAATCACAGC CCTATCAAAA 360  
 ACGTTGCGTG AATTTTATGG TCAAAATATA CAACAAAGTC CAGATTATGG CCGCATTGTA 420  
 AACCTTAAAC ATTATCATCG TCTGACTTCA TTACTTAAAC GTGCACAAAT GAATATTGTA 480  
 35 TTTGGTGGTC ATAGTGATGA GGATGAACGT TATATAGAAC CAACATTGTT AGATCACGTT 540  
 ACAAGTGATT CAGCAATTAT GCAAGAAGAA ATTTTGGTGC CTATCTTACC GATTTTAAACG 600  
 TATCAGTCAT TGGATGAAGC AATAGCCTTT ATTACACAAA GACCAAAACC TTTGAGTTTA 660  
 40 TATTTATTTA GCGAAGATGA AAATGCTACA CAACGTGTAA TAAACGAGCT ATCATTTGGC 720  
 GGCGGCGCTA TTAATGATAC ATTGATGCAC CTAGCGAATC CTAAATTACC ATTTGGTGGT 780  
 45 GTTGGTGCCT CAGGTATGGG ACGCTATCAT GGTAAATATT CATTGACAC TTTTACACAT 840  
 GAAAAAGCT ACATTTTCAA ATCnACACGA TTAGAATCAG GTGTCCATTT ACCACCATAT 900  
 AAAGGTAAAT TTAAATrCAT CAAAGCTTtC tTTAAAnATT AATT 944

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 453:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4820 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 453:

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

TCTCCAGTAG	ACCTTGTGTA	TGAACAGTTT	CTTTCATATG	AATGAACATC	GTTTTTAAAG	60
TTTGTTTCAA	CTCAGCCTTA	TCAGGATAAT	ATCTAGAGAC	AGTCGTCTCT	GGCATCTCCA	120
TTGTATGATA	TTTAACCTTA	TGCAGCGACC	CATGATTTTC	GTTATAAACA	AATGTATGAT	180
TCACTTCATC	GAAATCATGA	TCTTCTCCTG	CAATCCAAAA	AACTGGTACT	ACTTGTGCT	240
TATGTGTATC	CGTTAATTCC	TTAGATAAAG	TAATGATTGa	AAATATTTTA	TGGAATGTAT	300
ACAATGGTCC	CCCGAAAAGC	CCTGCTTGTT	GTCCACCAAT	CACAACTTT	GAACCATTAG	360
CTAAATGTTG	TATGTTTAAT	TCTTGTTTAC	TTGAAAGCTT	GAAAGCTTTA	AATCACTCAT	420
ATATTCACGA	ATAACATTG	CTAATGCCGC	TTCTCTTCCA	TTATTTTCTT	TAGACATCCT	480
TTTTTCAAAA	CTAGTTTGTG	GAGCTGCATC	ATATTGAAAT	AATCCTGTTA	TTACAGGGTC	540
ACTGCTCTTT	ATTTTTGGTA	TAAACTGATC	TTTTTCATTT	AACTAACTA	CTTTACAGTC	600
CATGTTTTTT	CTCCTTAAGT	ACGCGATTAC	AACTATAGT	ATAAAGTCTA	TACCGGTGAT	660
TGACAATTTT	ACGGCTTGAA	AATCAATTTA	ATCATGGAAA	ATTTATAATA	TTCATTGTTT	720
TACATTTTCA	AATCAATGAA	AAACACAAGT	GGTTTAATGT	ATAATAATAG	TAGTAAACAA	780
ATAAGGGGTA	GATAAATATG	AGTGAAATCA	AACGTCTTGA	AATTAATTAC	AAAACTGACG	840
AATTATTGGA	AAACTTTAGA	GCGTTTGGCA	ACAAAGACTT	ATACATGGTC	AATGAGTTAA	900
ACGGTCAAAT	GATTGATGCA	AGTTCAGATT	CACCATTTTA	TGGCATATTT	GTCGaGATCA	960
ATTAGGAGCT	AGAATGGCAT	TACTAAAAAA	AGGTGATGTC	GAAGAAATCT	ACTTCCCAGA	1020
TTTTGAAGAT	TATATATTAT	TATGGAAGTT	AGAAGTATTA	CCAAAATATC	AAAACAGAGG	1080
GTACGCTTCA	GAATTGATTG	ATTTTGCAAA	GAGTTTCAAT	ATGCCAATTA	AAGCCATTGG	1140
CAGAAATGAT	TCTAAGGATT	TCTTTTTACA	TCATGGATTT	ACAGATGTGG	AAGCTAAAAA	1200
TATAGAGGGA	CATGATGTCT	TATTGTGGAA	ACCATAAGAT	AATAATATTC	GACACTACGA	1260
GCATGAAAAT	GCATCTTTTC	GTAGTGTCTT	TTTTACAATT	ACTTTCTTAA	GCTAATATAA	1320
GTaAATCATT	TTCAAAATTAT	TTGTCTTAAC	GTACAATATC	ATTTAGTTGT	TTCCATGrAT	1380
TAATTTTATA	ATCAGGTATA	ATTCTGGAT	TATGATCAAA	TCCTCTAAAa	TTAAACCAGC	1440
AAGTAGCTAT	ACCCGCATTG	ATTCCACCTA	GAATGTCAGA	TGTTAnAGAA	TCTCCaACTA	1500
TAATCGAGTG	CTGtCTTTCA	TCCTCACCAA	TATCATTAAA	AACATAATTA	AAAAATTCCG	1560

	ACGGCGTCTG ATTTAACCTT CTCTTTTGCG TTTCGGTTAC ACCATTAGTA ACAATATATA	1680
	AATCATGTCT TTTCGATAAT TCGACAATTG TTTCTAATGT TTGATCAAAG TATTTAACTT	1740
5	TAGCTTCTGC TAATCCATTT CTAAATAACA CATCTGCACG ATGCCCATCA ACTTCCATTT	1800
	GATGATGTTT GAAGTAATTC ACAAATCGTT CTGATAATAC TTCAGACTTC GkTAATTTAT	1860
	TTTGkTGAAA AGCTTCCCAA TGTTGGTGaT TGaTTTTTTT AAATGkTAAA AAATCATCCy	1920
10	TTGTTGCTTT ATGATTAAAA ACATTGCGCA TATAGTGAAn CGCCCATTCT TCTGcATCAT	1980
	AAAAATCAAC AATTGTATCA TCAAAGTCTA TCAAAATATT TTTATATCCC AATTTCCCCA	2040
15	TCTCTATAT TGTCTATGTA TCTAAATCTT AACAGAGGCT CAAATTCTG CAAATAAAAT	2100
	AAACTGAGTG CATAACATTA AAGTATGCTC ACCCAGTTA TTTTAAAGAA TATTAGTTAT	2160
	TATATTAGAA TCCAAATAAT TTACCTAGTA AACCACACCC GTTAGCAACG ATGTCTACGA	2220
20	TACTTGCGCC TAATTTCAACA CTATCATGTT GTTGTGCAGC TTGCACAGTA TTTGCGATTG	2280
	CTTCTGCTAG TCCAGTCATT TAAATCTCTC CCTCACCTTT GAAATAATAC TGATTACTTA	2340
	CATAACATAT TGAAATTAGA ATCCGAATAA TTTACCTAAT AAACCTACGC CATTTTCAAC	2400
25	GATGCTCACA ATGCTTGTGC CTAATTTTGC GCCATCATT TTAATTGCTG CAGTTACGGT	2460
	ATCTTTAATT GCGTTAAATA AACCTTCCAT TGAAAACACT CCTTAAAT TAAATTTGAA	2520
	GATAACAAAA ACGTGCGTAg YTTTTAAATC ACCGAAATGT TATTCGCTTA ACGTTTGT	2580
30	GTTGTTATTT TAAATAAAT TTGATGCAAT TAGTTTGT TT ATCCGCACAA CATCTTATAA	2640
	TGTACTTAAC TGTATTTTAA AGAGAAAAGA AATACAGTTA GGCATTCAA ACTGTATTTA	2700
	ACACAATTAA GTTGCTGAA TTCGTATTTA AGTCTTATG AACCTTTTTA GATAAATAGC	2760
35	TCTATAATAG TGAAAAATAT AAACATTTTT TATTTACAAG GTATTGCTAA TTTAAGTTCA	2820
	TTTAGATATA ATAATTCTTG TGTGTGTTAAA CGTGTCTGG TAGCTCAGCT GGATAGAGCA	2880
	ATGGCCTTCT AAGCCATCGG TCGGGGGTTC GAATCCCTCC CAGGACGTTT ATAGGTATTT	2940
40	TTATACGCAT TACCAAACAA AAGAGTTCCG TGATTACGGG GCTCTTTTG TTTTGAATTT	3000
	CAGTAATATA GTATGATGCG TCACCAAAC GTCCCCGCA TAAGCCCCGA AAATACAGTA	3060
45	ATTAAAACAA GCATGCTTAT TCGTTATAGA ATTTTTTGAC ACACAATTGA CACGCGTCTG	3120
	ACACTTGTTT ATACATTTTT AATTAAGTAA TTTTGTGCTC AAATTCATC TATACTGCAC	3180
	CTGAACTACA CCAACACTAC ACCAAGATTT TTAACACTCA CCATTGTCAT GCGTAGAGAT	3240
50	TTTTATTATT ATATTATTCC TATAGATTTT GATACTATTC AAAATTTTAG GGACTTTTCA	3300
	GGGGCCCGAA ATCTATAAT TATAATTATA TACATCTAAA AAAAATAACC ACGTCCATCG	3360

5 ATACTATTGG CAAATTTATA AAGTAGTTCA GCGTTTTTCA ATGACATATT GTCTAATGAT 3480  
 CTTTCATTTT TTCTCATTCT GTGTATTGTG CTTTGTGGAA CTCCTGTTTG TTTCGATATA 3540  
 10 TGTAAGTGC TCAAATCACT GTCTAATAGT TTTTGAATTT GATTTCTCAT TTTGTACACC 3600  
 CCCTTGTAAG TCTTCAATCA TCATTTAAAT TAAATAATTA CTTTTCACA TATTCCAATA 3660  
 TTTAGGTTGC AAAGCATACC TCAAATATCA TTAATTTTGA GATTTAAATG TCAATTATGT 3720  
 15 GTCTATCAAT CCAATATACA TACTCTAATA ACGTAATAGT ACACACTCTT CTTATTAAAT 3780  
 GGCCATAGCT ATCATGATAT AATTAGTGAA GAAAATCACA TAAGAAAGGT TGTAAATCAT 3840  
 GAGACTTCAA AAAGCACCTC TAGTAACGTC AGGACTAGTC TTAGGATTAT TAGGCCTGGG 3900  
 20 TAATCTATTA AAAGACTTAT CTCTTACTTT AAACGCTGTT TGCAGGAATCT TTGCTTTCTT 3960  
 GATTGGATT CACCTTTTAT GTACTATGAT CAAATATTTT AATAATGTGA AAGAACAATT 4020  
 AAACAGTCCT CTAGTTTCAT CAGTGTTCAC AACATTTTTC ATGTCTGGCT TTTTAGGTAC 4080  
 TACTTATTTA AATACATTTT TTAGTAACAT AACTTTTATC AATAGCTTAA TAACGCCTAT 4140  
 TTGGATTTTA TGCCTTGTGG GAATTATGAC GCATATGATT ATTTTTTCAA TAAAATATTT 4200  
 25 AAAAGATTTT TCACTTGAAA ATGTTTATCC TTCGTGGACT GTACTTTTTTA TTGGTATTGn 4260  
 TATCGCAGGA TTGACGGCAC CCGTTAGCGG ATATTTTTTC ATAGGTCAAT TAACAGTAAT 4320  
 ATATGGCTTT GTAGCTACTT GTATTGTCTT ACCTATAGTT TTCAAGCGAT TAAAAGCATT 4380  
 30 TCCATTGCAG ACGTCAATCA AACCGAACAC ATCGACAATT TGTGCACCAT TTTCTTTAGy 4440  
 CGCTGCAGCA TATGTTATAG CTTTTCTTAA GCGGAATGCT TTTATCGTAA TTATATTTTT 4500  
 ACTATTAGCT CAAATATTTT ATTTTTATAT CATTATACAA TTGCCTAAAT TACTAAAAGA 4560  
 35 ACCTTTTTTCG CCCGTATTTT CAGCTTTCAC ATTCCCTTTA GTAATCTCAG CAACTGCTTT 4620  
 AAAGAACAGT TTGCCTGTAC TTATGKTCC AGACATTtGG AAAGGKCTTT TGTTTATCGA 4680  
 AGTGTTATTA GCCACTGTAA TAGTACTTAG AGTCTTTTATA GGATATCTTC ACTTCTTTTT 4740  
 40 AAAAAAGGAA AAACAAGATA AATTTCTnCG TAATGCGTCT CAGTAACACT ATTACCAAGA 4800  
 ATTAACACGT ATATTTAATA 4820

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 454:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4358 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear



	ATTTGGATCT TTAATATCAC CAATATTTTT AATATCTTCC GGATTCAATC CATATACTTG	60
	TACTGTATCT GAGTATTTAA TTGTGAAATA ATCACCTGAT TTAACTTTGT CATCAACTGT	120
5	AATTTGTGAT TTTAATGATA AATAATCTTG GGCTGGTACG ATTTTATTGT TTTTATCTGC	180
	ATCAACGACA GTTAATGTTG TATTTGATGT GATTAAATCA TTAACATTTT TAGCCTCTGT	240
	TGATGATGGC TGTACTGCTG CTATACGCAT TCTTGATTTC AAACGTTTAG GTGCTGTACT	300
10	TTTTGGCAAA ATGATATCTG CATTATTTTC ATTATTTGAA TTACTATTGT TATCAACAAG	360
	AGTTTCATCA TTACTCTTGA TAGCATCACT TTTAACATTT AATGTAGTTG ATTCAGTTT	420
15	GGCATCTACC TTTTGTMTT CCTCATTAGT TGGTTGAACA TTTACCACTG ATTTATTCTC	480
	TTGCAATCA GGTGTAACG CTTCTTGATT ACTTATAGTT TGTTTAGTGT TTAAATCTTC	540
	ATTCGTAGAT TTTGGTGAAG CTTGCTCATC TGATTTGGCA GTTGAAACTT CAACTTTATT	600
20	TCCAGTGGTA GATTGTACAC TTTCTTTTTT TATTAATTTA TTCCCATTTG AAGTCGTTTC	660
	ATTACCTTGa GATGATACCA TTTCTTTTTG ATTATCATTT TTAGTATTGT CTTCTTGATT	720
	TAGTTGCTGC ATATCAACTT TATCACTCGA TTGATTATCA CTTGCTGAAG TTGTCGCTcG	780
25	TTCAATTCTT TAFTAGTACT TTCTGCAGCC TTTGCTTCTT GGTCCCCAG ACCAAAAATT	840
	AATGTTGTAC CTACTAAAAT TGATGCTGTT CCCACTGTGT ACTTTCTAAT CGAAAAATTA	900
	TTTAATCGAT TGGATACCAT GCCTTTCCTT GTTATTGCCG TTTATTTTC TCTGTTTAGC	960
30	ATTAGATTAC TCCTAATTCA TCAAATTTTT AAATAATACA ATTGTTTTAA ATACAAAAAT	1020
	GTATATCAAT ATAGTATTAC ATTTTTAGAT AAAGCACAAT ACTTTAATTA TTTTCTTTA	1080
35	TCGTAAAACG TTATTAAACA TTTGTGTTTA AATAAAAGTT TTTATGAGTt TTGTAATCTT	1140
	TATTTAATCA TCATAAAAAA TAGTATTATT TGCCCTTGAA ATTAATATCT TAGCTTTTCT	1200
	AATTCATAGA CAATTACATT TCTGTAACAA ATTAAATTGT ATCTATTCCT TAAAGATTTT	1260
40	TTGTTTTATA TCTGGGAATT TCTAAACAGA AAAAACCAGG CCACATGGAC CTGGTTAAGT	1320
	TAATCATATT ATTATTTTTG TTTTTTACGA CGACCGAATA ACAATAATGA TCCTAATGCC	1380
	GCGAATAATC CACCGAATAA TGTGCCATTA TTTGAATTAT TATTTTCACT ACCTGTTTCT	1440
45	GGTAATGCTT TAGCTGTTTT ATGCTGATCT TTAACCGTAC TCATTGGTTT AGCCGGAGTA	1500
	TGTTTACCTG CATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAATCTG AGTCGTTGTC TGAGTCCGAA	1560
	TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTGTCTGAA TCTGAATCGC TATCCGAGTC TGAGTCGCTA	1620
50	TCTGAGTCTG AGTCGCTATC TGAATCTGAA TCGCTGTCTG AGTCTGAATC GCTATCTGAG	1680
	TCTGAATCGC TGTCCGAATC TGAGTCGCTA TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAATCTGAG	1740

55

TCTGAATCTG AGTCGCTGTC TGAATCTGAA TCACTGTCTG AGTCTGAGTC GCTGTCTGAG 1860  
 TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA TCTGAGTCTG AATCTGAATC ACTGTCTGAG 1920  
 5 TCCGAATCGC TATCTGAATC TGAATCGCTA TCTGAGTCTG AGTCGCTATC CGAATCTGAG 1980  
 TCGCTATCTG AGTCTGAGTC GCTATCCGAG TCTGAATCGC TGTCTGAGTC TGAGTCGCTG 2040  
 TCTGAATCTG AATCGCTATC TGAGTCGCTA TCGCTGTCTG AATCGCTGTC TGAATCTGAG 2100  
 10 TCGCTATCTG AATCTGAGTC GCTATCTGAG TCTGAATCGC TGTCAGAATC TGAGTCGCTA 2160  
 TCTGATGTTT CTTCCTCGTA GTAGCCATTA TCAAGTGTGA AATCATCATG ATCCGTAATT 2220  
 15 GTTACATCAA CTTCGCCACC ATCGGCATCT TTATCATCTT CAGTTGTATT TGTACCTGTT 2280  
 TGAGTTAAGC CAGCAGGTTT TTCAAAGATA ACTTTGTATT TACCACTATC TAAATTATCA 2340  
 AAGCGGTATT TACCATTTTC ATCTGTYTCA GTTGTAACAA TTACTTCGCC TTTTTCGTTT 2400  
 20 TGCAAAGTAA CTTTAACACC TTTAATTCCT TTTTCAGTCG AATCTTGTTT ACCATCTTTA 2460  
 TTACTGTCTG ACCAAACATA ATCACCTAAA CTATATTTTG GTGTTTTGTA GAATCCACTA 2520  
 TCTAATGTCA TGTGTGTCAGC GTCTTTAATG ACACCTGTTG TAGTTAGTCC ATCAGAATCT 2580  
 25 ACAGCATCAT CTGTACCTAC ATTTGTCAGTT GTCGGTGTAT AACCGGCTGG TGTGAAAAC 2640  
 TCTACACTAT AAGTTCCATT GCTTAAACCA GTGAAGTAT ATTTACCATT TTCATCTGTT 2700  
 GTCGTACGAT CTAATTCCTT ACCGTTACTA TCTTTAAGAA TGACATAAAC ACCTTTAATC 2760  
 30 CCTTTTTCAT TGGCATCTTG TTTACCATCT TTATTTGTAT CTTCCCATAC ATAGTCACCT 2820  
 AGATTATATT TCTTTTGGTC GCCATTAGCA GTTGATGAGC CATTACATT TGAATAACTA 2880  
 TTTGACCAAC TATATTTAGT TTTGTGAGTG TCTAAAGTAT AATCAATTTT TCCATTATCT 2940  
 35 GTTGAACTAT TATCTGGATA AGCAACTTGT TGAATGATGT ATTGTTTATT GCTGCTTGTT 3000  
 TGGCCTTTCA TTAAATCGAC TGTAGCTGTT TTATTATCAT TACTATAAAT AACATCGAAT 3060  
 40 TGATCAGTAA CATCTTTAAG TTTTGAAGTA TCAGGGGTGA AACTATCCAC AAATTGATTT 3120  
 TGATCTGTC CACTCGTAAAT TTTGAAGTTT TTTGCATTG GATTAAATTT ATATCCAGTT 3180  
 AAATTAGTAA CAAACGTTT TTTAGTATAT GTATTTTGTAG GTTGATTTAC ATATGCAGTC 3240  
 45 ATATTACGCG ATAAATCTTC ATTGTTAATA TAGTTTGTAC TTGAAATAAG CGTTGTGCT 3300  
 TTTTATTAC CATAATCGAC AATGATTTCT TCGCTATATG TATCATTACC TAAAGTTACT 3360  
 TCCATTTTAT AAGCTGTTTT ATCAGTTGTT GCATTTTAC GTTTCGCAA TGCAACTGT 3420  
 50 TCAAAGCTAC CTCTAACATT TGTATATTGA TCTACATAGT TCGTAAAAGT ATATGTTGTT 3480  
 GTGTTTGTG TACTATCATA AATACCTTTT GCAATAATAT TACCTTGGGC ATTATATAAA 3540

55

GTAAATGTAT CGCCCTCTTT AACAGAATCA TCGATTGTGT AATTGCTTT TAATTTTAAA 3660  
 ACATCACTTG AAGTTGCCCA AAATTCAGTT TTACCAGTAG TCTGATTAAC ATGTCCTTTA 3720  
 5 TCAATCGCAA TGTCAATATT TGAAAAATGT ACTTTATCAT TAACATTTGT TCCTTGTGTG 3780  
 GGAGCTGCAA CAGTATTCAC TGCCATGCGA TTTAAAGTTC TTGGTTTAAT AGTCGTTGTT 3840  
 TTAGGTGTAG TTGAAACATC TTTTGCTTGT GTTAAATTAC TTTTATCAGT TTCATTACTA 3900  
 10 TATGTAGTTG ATGATTTATC ATTTGTTGTT ACATTGCTAG TTTTGTAGT AGATTGATTA 3960  
 GCTGTAGCGT TTTGTGGTGA TTGCATGTTA CTAAGTATTT CTTTAACTGT TGCACATCA 4020  
 CTCATTGTCA CTTTAGGCTG ATCTGCAGTT GCAGTTTTCG TATTGTCTTT TAGTTGACGA 4080  
 15 CTATCAACTT TTTTAGTTGT TTTATTCTCA CTGGGGCTG TCGTTTCATT TTTTGATTGA 4140  
 TTTAATTCTC CATTGCTATG TTCTGCCGCT TTAGCTTCAT GACCACTTAA CCCAAAAATC 4200  
 20 AATGTTGTCC CTAATAAAAT TGAAGCAGTA CCTACAGAAT ACTTCTTAT CGAAAAATTG 4260  
 TTTAATCGAT TTGGTATCAT GCCTTTnCTA TTTGTnGCTG TCTTTTTATA ATTCAATTAA 4320  
 TAATACTCCT TTAATAATATC AAAATTTGAT AAATATAA 4358

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 455:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 455:

35 TTGACTTCTT AATTCAGCAT TTTCTGCACT TAATGCTTTG TTCTTTTAA TAAGTTGCTT 60  
 TCTTGCATAA ACTTCGGTAT CTATTTTACT ATTACTATAC CTTTGATTTA AAATAATAT 120  
 40 ACCAATTAAT GCTACAATGA TAATGATAAG TACAACATAA AAAGACATTT TTTCACCAAT 180  
 CCTTTTGGAC TTCTTTAACT TTGTATACAA TAATAATTAA TAAAGATTAA TTGTTATTCA 240  
 ATTTCCACA TTTTATTAG TTGATTTTAG TTCATCATTG TTATAATCAA ATTATAAACT 300  
 45 GACAGATATT GATGTTCAAT GAATATGACG TGAAAGATTC GTGAATTCAA GTTTATGTCG 360  
 AATTTATGTT ATAACGGTCA TTTAAATGAC AGAATTAGGT CACTCATAGT ATTTGAAGA 420  
 TTGAATTCAT TAATTTTAAA ATGTATAATG ATATTTGTGA AAGCGCTTGC TTAGGAGGTG 480  
 50 TATTTGAGAG TGAATGAAAT GAATGCTAAA GAACAATTAG TGGACAATTT AATGAAAACA 540  
 TCATCGCAAT TATTTAAATT TCACGGTGAA GTTGCCATGC AGCTTTTCTT AAATGATGAA 600

AAAGTTATTC CGCAATCATA TGC GTTACTA TACATAGATA AGCAAGATCA AGCAATAGCT 720  
 AAAGAAGATT TATCACTTTC AAAAATTGCA AAAGTTTATG TGCAATATGA TGATACAACA 780  
 5 ATAATGAGTA TTTTCGTTTA TGATGTAGTA AACGATGAAT GGATTTTATG ATTGGATCCG 840  
 AATATACGTA TACCTAAGAG TAACATATAC TTCCATAGTT TAAATTGGGA TGTGGATATA 900  
 TTAAACCGGA GtCGTCTAAT GTATGTCTAA TGCaCACCAT CAGaTCATCA TtATCCATTA 960  
 10 TAACGrGCAT AGTGCATAAn yACTwCatTT TaTTaaATTG AGaGGgGCAC GATAGGTGCA 1020  
 TCAGGACATA ATATAGGAAG CATCAACGCG TGAnCAGGTC 1060

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 456:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1262 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 456:

25 ATAATnACTA AATACnAAAG TTAACTGTC TTACTAATAA TGACTATGTT ATAATTTTAA 60  
 AAGTGATATT TTGGGTAATC GCTATATTAT ATAGAGGAAA GTCCATGCTC ACACAGTCTG 120  
 AGATGATTGT AGTGTTCGTG CTTGATGAAA CAATAAATCA AGGCATTAAT TTGACGGCAA 180  
 30 TGAAATATCC TAAGTCTTTC GATATGGATA GAGTAATTTG AAAGTGCCAC AGTGACGTAG 240  
 CTTTTATAGA AATATAAAAG GTGGAACGCG GTAAACCCCT CGAGTGAGCA ATCCAAATTT 300  
 GGTAGGAGCA CTGTGTTAAC GGAATTCAAC GTATAACGA GACACACTTC GCGAAATGAA 360  
 35 GTGGTGTAGA CAGATGGTTA TCACCTGAGT ACCAGTGTGA CTAGTGCACG TGATGAGTAC 420  
 GATGGAACAG AACATGGCTT ATAGAAATAT CACTACTAGT TTAGCTCTCC TAGATGATGG 480  
 AGAGCTTTTT TCATGAAAAG AACACTTAAA ATTAACGCCy TGTCTTGaTA tAATGACaCT 540  
 40 GCcTTGTTTT AAAATAGTAA GCGGATGcGT TAATGTATCA GCGATTAAAT TTGTTGAAAA 600  
 TGTATAAAAA ACACAAGCTA AGAATAAAAT ACCTGTATAA AAGGAGAATC ATATATGTTT 660  
 CAATTACTTG CAGTTTGTCC GATGGGATTA GAAGCTGTTG TTGCTAGGGA AATTCAAGAA 720  
 45 TTAGGCTATG AAACAAATGT TGAAAATGGT CGTATATTTT TTGAaGGAGA CGCAAGTGCA 780  
 ATTGTAAAGG CAAATTTATG GTTGCGCACA GCAGACCGAA TCAAAaTTGT TGTGACGCT 840  
 50 TTTAACGCAA CAACGTTTGA CGAATTATTC GAACAAACCA AAGCGCTCCC TTGGGAATCT 900  
 ATAATTGATA AAGAGGGTAA CTTCCAGTT CAAGGTAGAA GCGTTAAATC AACACTACAT 960

TATAACGAAA AAGGTTGGTT AAATGAATCA GGTGCCAAAT ACCCTGTTGA AGTTGCCATT 1080  
 TTAAAAGATA ATGTATTATT GACTATCGAC ACATCAGGTT CTGGTTTGAA CAGACGTGGT 1140  
 5 TATAGATTAG CACAAGGTGA AGCACCAATT AAAGAAACGT TGGCAGCAAG TTTAATCCGT 1200  
 CTTGCCAAAC TGGGAAAGGT GATTACACCT TTAAATTGGT CCCATTGCG GTTCnGGTTA 1260  
 CA 1262

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 457:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1142 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 457:

CCTGGCTGCT TTATCAGCAT CTACTACTTT AAAACCGAAT ACGGATAAGA GTTCTGATAC 60  
 TGTGATTTT CCTGAGGCGA TTCCACCTGT TAGACCAATA ACTTTCGGCA TAATTTCACT 120  
 25 CTTTCTTTAT TTTTGACATA CTGGACAATA ATGACTATTT CTGTGCGGA TGATTTTGT 180  
 TTCAATTGA CTTCCACACA CTTTGCATAC CGGCTGCTTA TATACATTAA GATGCAATTG 240  
 CATCTACCA GTTTTTCCAT CAGCATGACG ATAATCTGAA ATACTTGTAC CGCCATATTT 300  
 30 AATACCTTCT TCTAGTACTT CTCTAACATA ATAAAAACC ATTTCTTGTT GTTGGTGTGT 360  
 TAAGTCTTTT ACTTTTTTAT CTGGTAAAC ACCTGCACGA AACAACGCTT CACATGCGTA 420  
 AATATTTCCA CAACCTGCGA TTACTTTATG ATCCAAAATC ACTTGTTTGA TTGGTTTATT 480  
 35 CTTATTAGAC TGTGATGAA TTCGATTAA ATAATACGTC AATGCTTCAT TTGAAAAGG 540  
 TTCAGGCGCT ATTTCTAAAA ATGAAGGATA AGATGCTACA GACGCAACAT TTCTAATTTT 600  
 TCCAAAACGA CGTATATCTG AATAAATTAA CTTTTTGTCA TTTGACAACT CAAAAATAAC 660  
 40 ATGCCAATGC TTACGATAAT TAGGTATCAT AATATCTTCA AGTTCATCTA CAATGAAAAA 720  
 ACCGCCCGCC ATACCTAAAT GACTAATTAA TGTACGTTGT TCTCGTTTAT TATCTAGCTG 780  
 45 AAAACGATA TATTTACTTC TTCGTTCTAC ATTTGTAATG GTATAGCCTT CCGATAAAGT 840  
 TTTAAAAGTA TCTAATTCAA TTCCTTTTAT AATTGTTTCC TTGCCTTGAG CTTTACCTTC 900  
 GATTACTTTA TCCGAAAATA TAACGTGTTT AATTTTTTGA TTTATAACGT AGGGTTCAAT 960  
 50 TCCTCTTTTT ACATGTTCTA CTCTGGTAA TTCGGGCATA CCATTAACT CACTTTATTT 1020  
 TGCATCATAC CAGGTTGCAC CATACTTGA GTCTACTTTT AATGGAACAT CTATTGCAA 1080

TT

1142

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 458:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1814 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 458:

5	CCTTTAGTAA ACAATCCTTC TTTAGTTTTA GTACGTTGTT CCAATCCAAA TAATTTGTAT	60
15	TTCATTGCCT CGCCCCGATTG AGTGCCGCTA AAGTTATCAT CTTTCATGTT AGGCGTGTTG	120
	GTAACATGT GTATATCACT GTTTAAACGG TCTTTATAAG CTTCGGTACC TTGTACATCG	180
20	TATTGCTTAT AAATATAACC ACCATCAACA GAGCCTTCTG TTTCTCTACC TTCGCTATCA	240
	GCATAAACAG TCGGTTCTAA AAACAACACG TTAGCTTCCT TTTGTTTTCT AACTTCTACA	300
	GGATCTAAAT TTAAATTACC TTTAATAAGT AACATAGCGT CATTTAAATC ACTCATATAG	360
25	TTAGCAsymy CTGATTCAAG ATTATCATAC AAATCAATTA AAGTGATTAC TTTCTCATAA	420
	TCCCCTTTTT TCTTTTCGTT GTTGCTAAAT TCTGTAATAG GCATACGTTT GAAAGAGTGT	480
	GATTCAAAC CGTTTTACAG TGGTGTGAGC TTCAATCCAT TTGTTCTACT GGTAAGATAT	540
30	CTATAAACAC CGTGTGAAGT GAATAAATCA ACTGTAAACA CTTTCATCTTC GTCAGTCTTG	600
	TCTATTGGTT TAGTTCTTAA ATATCTAACG CCTGCGATAC TATTACGTTT AATTGTATTG	660
	TCGTATATGA CAAAAGTACT CATTGCATCA CTCTTGATA AACGCGTTTC ATCATCTTGG	720
35	TTTCTAATCA TTAATCATA AGCTTTGCCA TAAATTGACA AATCTAATCC TAAAGATCTA	780
	TTGTGTGACT CAACATCATT TAAATCATTG AACGCCTCAA TAACCTCTAA TACATCTTTG	840
	TCATCATCTT GATATTGAAT TGGATTACCC AAGAAATAGC CGTTGATAAA ATCGCTAATA	900
40	TAAGATGCGT AATCATGCGC TACACGGTTA TCTGCCATGT ACTCTTCTTT GCGTCGTGTT	960
	AACTCAACTA AGTTCTTAGT TTTACCTTCG TAATAATCAC TTAACACTTT CAATCTAGGT	1020
45	CGTTGGTAAT CCATGTGATG TTCAATGTAT TTACTTACTT CATTAACGTT TTGTAATAAA	1080
	TCGGATTCCG TCCCGTCATA TGTGTAAACA ACATTGGCTT CATCATTAAC TAAGTAATTT	1140
	ATGTTTCCCC GTAGATCTGT ATCTGTTTCA AATTCGTTTA CTTTTAACAT TTGTTCCCTC	1200
50	CTATAATCCT AGAGATTTTA TTGTGTCAAC TTTCGAACTG AGATTGTGTC GTTTCTAAC	1260
	CGGTCTGTAG AATCGTTCCA CTGAATAACG CAACGAATCG ATACAATGAT TGTATGTATC	1320

55

CTCTTCAATA GTCTTGAAAC AACGTTTCATC AACAAATGATT TCAAATTGCA TTAAGAATTG 1440  
 TAACCCTTGT ACAACCGAGC CCTTCCCTTT TTTGGTTGGT AAAATCCTTT TAAGCCCTAG 1500  
 5 ATTCCTTAAT TCAGCTATAC TTTTGTGTTG TGCATATCT GCTGTAATTT CTTCTTTAGC 1560  
 ATAACCAAGT TGCTTTATGA CATTAGCTAT TTCATCATTC AGCATACCTT GTTTAACATA 1620  
 CTCTTCAATG ATGTATAACT TCTTTTCTT TACATCTATT TTAGAATGTA TAAAAGCACT 1680  
 10 AGGATCATT ACGTAGCCAA AGTCCAATCC AAAATAAGAA GGTAAATGTC TTAACATCATC 1740  
 TTTATTTATT AAACGTTTTT CATACTTAGG GAAAACCAAT TTGTCTAGTG TAGCAAATTC 1800  
 ACCTAACGCA TAAA 1814

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 459:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 686 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 459:

AATTNAGATT ATTACCCTCC TTAAAAATA TTTGTTTCAC AATTTTTTAT TACCTATTTA 60  
 CTGGTTTCAT GTCTTATGGG GCATTTTACT TGTGGTATT TGAAATGTG CAAAATTTAA 120  
 30 TCTTATATGT TTCTGGCTT TTCATGACTA TGCTATTTAT GTTTATGAAT ATGCATTCAA 180  
 TTATAGATAA AAAAGTACAT ATATTCTTAA AGTCTAATAA ATAGTTACAA ATTTAGTTAG 240  
 TTTTCAATTG TTAATTAGGG GTGGTAAACA GTGCTTTGTG AATCTAGACA AATTTATAAA 300  
 35 AATCCTAAAT ATCGAGTTAT TAGATATAAT AATGAATATT TCATGGTCGA TTTAGTAAGT 360  
 ACTTGGATTA CTTATTTTTT CCCTATGATT AATTGGTTTT TGCCCAAAA ATACGCAAAA 420  
 ATTAGCGAAA ATGAATTTGA AAGGTTAAAT ATAGTCGAGC CTGTTAAAA TAATGTTTTT 480  
 40 TGGCCGGTTG CAGGAAGTTC AGTTCATTT GGAATTATAT TGAGAAAGTA CGGTAACCTC 540  
 TTTAATGTTT AGTTTGAAAA ACACTAGCA ATCACTGTAT TTTTATCAT GTTAATAGGG 600  
 45 ATGTTAATTT TTTATTTTTA TCTAAATAAA AAATTAACAT TAAAAATTT TAATACCAAC 660  
 GTGGGTAATA AGAATAGGAG TTGTAT 686

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 460:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1300 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 460:

5 ATCTGCAATT ATGGGCACAC CCAAGCTnAT GCAAGTAACT AAAGGAGAAG TACTTTTAGA 60  
 CGGTGTAAAT ATTTTAGAaT TAGAAGTTGA TGAAAGAGCA AAAGCAGGAT TATTCTTGGC 120  
 AATGCAATAT CCATCAGAAA TTACAGGTGT TACAAATGCT GATTTCATGC GTTCAGCAAT 180  
 10 CAATGCGAAA CGTGAAGAAG GACAAGAAAT CAACTTAATG CAATTTATTA AGAAATTAGA 240  
 TAAAAACATG GATTTTCTAG ACATAGATAA AGACATGGCA CAACGTTATT TAAATGAAGG 300  
 TTTCTCAGGT GGAGAGAAGA AACGTAACGA AATCTTACAA TTAATGATGT TAGAACCTAA 360  
 15 GTTTGCaATC TTAGATGAAA TCGATTcAGG GTTAGACATC GATGCATTAA AAGTTGTATC 420  
 TAAAGGTATT AACCAAATGC GTGGGGAAAA CTTTGGTGCA TTAATGATTA CACACTATCA 480  
 20 ACGATTATTA AATTACATTA CTCCTGATAA AGTACATGTA ATGTATGCTG GTAAAGTCGT 540  
 TAAATCTGGT GGTCCAGAAT TAGCAAAACG TCTTGAAGAA GAAGGATATG AATGGGTAA 600  
 AGAAGAGTTC GGTTcAGCTG AATAATCTTA TTAATACAGT ATCCATGAGA TGTTcATCTA 660  
 25 TATATGATGA AAATGAACAT TTATACGAAA TAGTAAATTT CATCAAGTAG GAGGAAAAAG 720  
 TTATGACAAC TGATATTTTG rACaTTyCTG AAGAACAACt TGTTGATTAT TCTAAAGCCC 780  
 ACAATGAACC TTCTTGATG ACAGAATTAC GTAAAAAGC TTTGAAATTA ACAGAAACTT 840  
 30 TAGAAATGCC AAAACCTGAT AAAACAAAAT TAAGAAAATG GGATTTTGAT TCTTTTAAAC 900  
 AACACGATGT AAAAGGTGAT GTTTATCAAT CTTTATCACA ATTACCTGAG TCAGTAAGAG 960  
 AAATTATTGA CGTAGATCAT TCTAAAAACT TAGTAATTCa ACATAATAAT ACGATTGCGT 1020  
 35 ACACACAAGT TGATGATAAT GCATCGAAAG ATGGCGTTAT CGTTGAAGGT TTAGCAGACG 1080  
 CTCTTATGAA CCATAGTGAT TTAGTACAAA AGTACTTTAT GAAAGATGCA GTAACAGTAG 1140  
 ATGAACATCG TATCACAGCG CTACACACGG CATTAGTTAA TGGTGGCGTA TTTGTTTATG 1200  
 40 TTCCTAAAAA TGTAGTTGTA GAACATCCAG TACAATACGT TGTGTTGCAC GACGACGAAA 1260  
 ATGCAAGCTT TTATAACCAT GTTATCATCG TTACTGAAGA 1300

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 461:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3135 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear



	GACAGCAAAT TCAAGATACA TTAAATAAAG ATATTGTCAT AAAGCATATT CTTGTTTCGAG	60
	ATAAATCTAA AAAGAGACCG CTAAATATTA GCCAATATCA TTAACTGAA GATGTTAATG	120
5	AAATTTTAAA TGATGATTCA TTAGATATTA TCGTTGAAGT CATGGGAGGA ATTGAACCAA	180
	CTGTAGATTG GTTAAGAACA GCACTTAAAA ATAAAAAACA TGTTATTACC GCAAATAAAG	240
	ATTTATTAGC AGTACATCTT AAACCTTTAG AAGATTTAGC AGAAGAAAAT GGTGTAGCTT	300
10	TAAAGTTTGA AGCGAGTGTA GCAGGTGGTA TTCCGATCGT AAATGCCATA AATAATGGTT	360
	TGAATGCGAA TAATATTTCA AAATTTATGG GAATTTTAAA TGGTACCTCT AATTTTATTT	420
15	TATCTAAAAT GACTAAAGAG CAAACGACAT TTGAGGAAGC ACTTGATGAA GCGAAAAGAC	480
	TTGGTTTTGC TGAAGCGGAT CCAACTGATG ATGTAGAAGG GGTAGATGCA GCGCGTAAAG	540
	TTGTCATTAC ATCATATTTA TCATTTAACC AAGTCATTAA ATTAAACGAC GTTAAACGAA	600
20	GAGGAATTAG TGGCGTAACT TTAAGTGATA TTAATGTAGC CGATCAACTG GGGTATAAAA	660
	TTAAATTGAT TGGTAAGGGA ATATATGAAA ATGGCAAAGT TAATGCATCG GTAGAACCAA	720
	CGTTAATTGA TAAAAAGCAT CAATTAGCAG CTGTAGAGGA TGAATATAAC GCGATTTATG	780
25	TTATTGGTGA TGCCGTTGGT GACACGATGT TTTATGGAAA AGGAGCAGGC AGTTTAGCAA	840
	CAGGTAGTGC CGTTGTCAGT GATTTATTGA ATGTAGCATT ATTCTTTGAA TCAGATTTAC	900
	ACACATTGCC ACCACATTTT GAATTAAAGA CAGATAAAAC ACGGGAAATG ATGGATTCAG	960
30	ATGCAGAAAT TAATATTAAA GAAAAATCCA ATTTCTTTGT AGTAGTGAAT CATGTCAAAG	1020
	GTTCAATTGA AAATTTTGAA AATGAGTTAA AGGCAATATT ACCATTTTAC CGATCATTAA	1080
	GAGTTGCAAA TTACGATAAT CAATCATATG CCGCTGTTAT AGTTGGATTG GAATCATCAC	1140
35	CGGAAGAATT AATCACTAAG CATGGATACG AATTGACAAA GTATACCCAG TAGAAGGAGT	1200
	TTAATTATAA TGAGAAGATG GCAAGGATTA GTAGAAGAGT TTAAAGCACA TTTACCAGTA	1260
40	AATGAAAATA CACCAAAATT AACATTGAAC GAGGGAAATA CACCACTCAT TCATTGTGAA	1320
	AATATGTCTA AAATACTAGG CATAGATTTA TATGTGAAGT ATGAAGGTGC CAATCCGACA	1380
	GTTCAATTTA AGATCGCGGT ATGGTAATGG CTGTGACAAA AGCAAAAGAG CAAGGTAAGA	1440
45	AAATTGTAAT ATGCGCTTCG ACTGGAAATA CATCAGCGTC TGCAGCAGCA TATGCAGCGA	1500
	GAGCAGGTTT AAAAGCTATC GTCGTAATAC CAGAAGGTAA AATTGCATTA GGTAATTGT	1560
	CGCAAGCAGT AATGTATGGT GCAGAAATCG TTTCTATTGA AGGAACTTT GATGAAGCTT	1620
50	TAGAAATTGT AAAAGAAATT GCAAAAAGTG GCGAAATCGA GCTTGTAAC TCTGTCAATC	1680
	CATTTAGAAT CGAAGGACAA AAGACAGGCT CATTTGAAAT TGTACAACAA TTAGACGGTG	1740

55

AAGGCTTTAA AGAATATCAT GAAGCTAAAG GATCACAATT GCCGAAAATG TTTGGCTTCC 1860  
 AAGCTGAAGG CGCATCACCA ATTGTTCAAA ATAAAGTCAT TAAAAATCCT GAAACGATTG 1920  
 5 CAACTGCTAT TCGAATTGGT AATCCTGCTA GTTGGGATAA GGCGACTAAT GCTCTTAAAG 1980  
 AATCAAATGG ATTAATAGAT AGTGTTACTG ATGATGAAAT TCTAGAAGCA TATCAGTTAA 2040  
 TGACAACTAA AGAAGGTGTC TTTAGTGAAC CAGCGAGTAA TGCTTCTATT GCAGGTTTAA 2100  
 10 TTAAATTGCA TAGACAAGGT AAATTACCTC AAGGTAAAAA AGTAGTTGCT ATTTTAACTG 2160  
 GTAATGGATT AAAAGATCCT GATACTGCTA TTTCACTACT AGATAATCCG ATAAAGCCAT 2220  
 TGCCAAATGA TAAAGATAGC ATTATCGATT ATATTAAAGG AGCTTTATAA CATGTCGAAT 2280  
 15 GTTTTGGAGT TAACAATTCC TGCATCAACA GCCAACCTTG GAGTTGGCTT TGATTCTATA 2340  
 GGTATGGCTT TAGATAAATT TTTGCATCTG TCTGTAAAGG AAACATCAGG GACAAAATGG 2400  
 20 GAATATATTT TCCATGATGA TGCATCTAAG CAATTGCCTA CTGACGAAAC AAACCTTTATT 2460  
 TATCATGTAG CACAACAAGT TGCTTCTAAA TATAGTGTG ACTTGCCTAA TTTATGTATC 2520  
 GAAATGAGAA GTGATATTCC ATTGGCAAGA GGGTTAGGTT CGTCAGCTTC TGCTTTAGTA 2580  
 25 GGAGCTATAT ATATCGCAA TTTATTTGGT GATATCCAAC TGTCTAAACA TGAGGTATTA 2640  
 CAATTAGCGA CTGAAATCGA AGGACATCCT GATAATGTTG CGCCGACCAT TTATGGTGGT 2700  
 TTAATCGCTG GATATTATAA TGATGTCTCG AAAGAAACGT CaGtTGCACA TATCGACATA 2760  
 30 CCAGACGTGG ATGTGATTGT AACGATACCA ACTTATGAAC TAAAAACAGA AGCATCAAGA 2820  
 CGTGCTTTAC CACAAAAATT AACACATAGT GAAGCGGTTA AAAGTAGTGC AATTAGTAAT 2880  
 ACAATGATTT tGgCATTAGC ACAGCACAAAT TATGAATTAG CAGGTAAACT CATGCAACAA 2940  
 35 GATGGCTTTC ATGAACCGTA TCGTCAGCAT TTAATTGCTG AATTTGATGA AGTGAAAACA 3000  
 ATTGCTAGTC AACATAATGC CTATGCAACT GTAATTAGTG GTGCTGGACC AACTATTTTA 3060  
 ATATTTAGTC GTAAAGAAAA TAGTGGGGAA TTGGTTCGCT CTTTAAATAG TCAGGTAGTA 3120  
 40 TCATGCCATT CTGAA 3135

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 462:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1209 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 462:  
 55

EP 0 786 519 A2

	AGnTCAATAT TTAGATCAAG CCGTTTTAAG TAATTACGAA CAAGTTTATA TCATTCATGG	120
	TAAAGGTACA GGTGCACTTC AAAAAGGTGT ACAACAACAT TTGAAAAAGC ATAAAAGTGT	180
5	TAGTGA CTTT AGAGGTGGTA TGCCAAGCGA AGGTGGATTT GGC GTTACCG TTGCAACACT	240
	AAAATAAATT ATAATTTGAT AAATTAAATA GCTGCAGTTA AAATAATGTA AAGCAACAAG	300
	AATACATTTT AAACATGTTA TTTGAAATAA GCATAAAAAAT TGAGCAAATA GAAATACATG	360
10	AAGCATGTTA TCTGATATAA TTTGAACATC ATAATAATAA TTAAGGAGGA TTGGCATTTA	420
	TGGCAATCGT AAAAGTAACA GATGCAGATT TTGATTCAAA AGTAGAATCT GGTGTACAAC	480
	TAGTAGATTT TTGGGCAACA TGGTGTGGTC CATGTAAAT GATCGCTCCG GTATTAGAAG	540
15	AATTAGCAGC TGACTATGAA GGTAAAGCTG ACATTTTAAA ATTAGATGTT GATGAAAATC	600
	CATCAACTGC AGCTAAATAT GAAGTGATGA GTATTCCAAC ATTAATCGTC TTTAAAGACG	660
	GTCAACCACT TGATAAAGTT GTTGGTTTTCC AACCAAAAGA AAAGTTAGCT GAAGTTTGTAG	720
20	ATAAACATTT ATAAGTTACA ACCAATGACG ACTGGGGCAT TTCTTTAATG AATTGCTCCA	780
	GTTTTTGTTT GTGTTTTTAA TATAAAAAGT TGAATGATAA GTCATCATAT TGTTTACGAC	840
25	TTGAGAATGG TGGGATTAAT AAATCTATGA ACGTTAAATG ATAATCTAGC ATGCTGATAG	900
	ATTTGTAGCA GTTGGTTTGA TAAACCATG TTCAATATTA CATGATGTGC ATGAAAAGTC	960
	ATACTCGAAG ATGTTGATTA TTAAGTAGAA TTAGTGGTGA TAAATTTGAA GCACTTTTGT	1020
30	AGCATCATTC ATTTTAAAAT TAGAAGGGGG GATATTTTGT GAAGACTATA AGCAACGAAT	1080
	TAAAAATAAA TTAAATGTCG TACCTATGGA ACCAGGATGC TATTTAATGA AAGATCGTAA	1140
	TGATCAAGTG ATATATGTTG GCAAAGCTAA AAAGCTAAGA AATCGATTGC GATCATATTT	1200
35	TCACGGGTG	1209

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 463:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2410 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 463:

	AGTTCAACAC GACGAATTTT ACCTGAGTTT GTTTTGGTA AGTCGTCAAC GAATTCAATC	60
50	TCTCTCGGAT ATTTATATGG TGCAACTTCA TTTTAAACAA ATTGTTGTAG TTCTTTAACT	120
	AACGTATCAT CACCCGCACT ATGGTCCTGT AAAATAACGA ATGCTTTAAC AATATTTCCCT	180

	GCATCTTCAA CTTCAAAAGG CCCAATCGTA TAGCCTGAAC TAATAATAAT GTCATCTCGA	300
	CGTCCTTCAA ACCAGAAATA ACCATCATCA TCTACATGAG CTAAGTCACC AGTGATGTAG	360
5	TATTACCTG TTTGCGCTTT CGCCGTACGT TCTGGCTCTT TATAATACCC TTTGAAAAGT	420
	GCTGGCAAAT CAAGTGGTAC TGCAATATTC CCTTTCGTAT TAGCAGGTAC GCTATTCCCC	480
	TCATCATCTA CTACAGTGAC CGAACTACCC GGAATGCCTT TACCCATTGA TCCAATCCTC	540
10	TGTGGTGTAT CTTTTAAAAA GCCTATAAGC AAGGTACTTT CAGTCTGGCC ATATCCATCT	600
	CTTACAGTTA AATTAAAGTA TTTCTTGAAT TGTTCACCTA CTTCTCGATT TAGTGGCTCA	660
15	CCTGCAGAAA CGGCACTATG TAAATGCGTT AAGTCATAAT CATTTAAGTT CTGTAATTTA	720
	GCCATCATAC GATATTCTGT CGGTGTACAA CATAAACAT TAATTTGATA TTTTGAAGC	780
	AAITCTAAGT ATGTTTCAGG ACTGAACCTT CCATTAAATA CAAAAGCAGT TGCACCTGAA	840
20	CCTAATACAG ATAAGAAAGG ACTCCATACC CATTTTGGC AACCTGGTGc TGCTGTTGCC	900
	CAAACTAAGT CATCTTCATT aATACATaAC CAATGTTTTG GTGCCATTTG TaAATGTGcA	960
	AATCCCCaTC CATGACAATG TGTAACGGCT TTAGGATTGC CAGTTGTACC AGATGTATAT	1020
25	GACAGAATCG CCATATCATC ACGCGTCGTA TCTGCCATTT CTAGTTTGTT ACTTGCCTTT	1080
	TCTTTTTCAG CTTCAAGTGA AATCCATCCA TCTTTTGCAC CGGCAATAAC AAATTTAGTT	1140
	AACGCATCAT ATTCTTTAAT TTTTCAAAT TCAACTGTGA ATGGCTCTAG TGCAATAACT	1200
30	GCATTAATTT CACCATGTGT GATACGGTAT TGTAATCTT TAGTTCTTAG CATTTTCAGAA	1260
	CATGGAATGA TTGCAACACC TAATTTTAAA GCAGCAATAT ATAATTCATA CGTCGCAATA	1320
	GATCGTGGCA TCATAATGAG TACTTTATCG CCTTTAGATA AACCGTGCGA TGCTAAAACA	1380
35	TTACCTACTT TATTAGACTG TTCAATGAGC TGTGGTAAG TGAATGATAT ATCTTCGCCT	1440
	TCAGTATTAT GATATAAAAT TGCCTTTTTA TCTGGTATGT GGCTATATTT TTCGATTTC	1500
40	GAAATAATGT TATATTTTTC AGGCGCGAAT AGAGCTGACT TTTGCATAAC TAACTTCCTT	1560
	TCATACATCC ACTTTTCCTG TGATGAACAT TGTAATTTTA TAAATGAATT ATATACATCA	1620
	TACGCCTATC TTTACAGAAT TTTCAATTAA ATAGGGTTAA ATACCAAAGT CCTCGACACT	1680
45	ACACTTTGAC ATGACGTAGC ATTCAAGGAC TTTCAAATGA TTGAGGGTTG ATATCTCGGG	1740
	CTAGACCATA TCAGCTAATT CAATACGAAT ATTGTATGAT AATTCACGAT TAATTATTTT	1800
	TACATCTGCA CCTTTCGAAG TGCCACGATG CTTGTGTGTA TGCTTGTACT CAGCTGAATT	1860
50	TTGCCAATGA TAAATGCTT GCCTATTTTC CCACAGCGTA ATAATGATAT AGTGTCTACC	1920
	AGCTGTTCTA GGTCTTAAAA ACCTTAATGC TTTAAATCCA TCAACGTTTT TTAAATGCTT	1980

ATTTAACACA CATAATGAAT CATTTGATAA ATCATTATC GCTTCTAGCA CATCGTAATA 2100  
 TGCAGTGTC TTTATTTTTT GTATTGTGAG ACAATCATCC AGTTCTTCTA TTACATAACT 2160  
 5 TCTATATTCA TCATAAATTT TCATAATAAA TGCCTTCATT TCATTTATAT TTTTGGTCAT 2220  
 ATTACTkTAT ATCTATTACT AAtkCATTCC CGTATTTATT AATTACAATC ATAGTTTGGC 2280  
 TyCTTTTTTAA AAGATAAGAC TTTGTAAAAA GTATTAAATAT TTCATGCAA TGGGGGACAG 2340  
 10 GAGTCGCCCA CTATTTTTGT GTCTTCAATT TCATGATCAT TATTTAACAT TAGTCATGAA 2400  
 AATAGCCGAC 2410

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 464:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 590 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 20 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 464:

25 TTTATTAATT GTAAAAAATT GAGTAAATTA TCTTTACATT CTAAATTAGT CTTAACTACA 60  
 ACTAGTATCC TAATAATTAT AGGAGCTATT ACATTCTTTT TATTAGAACA GTTTAATACT 120  
 ATGCAACATA TGGGACTAGT TGAAAAAATC GGAAATTCTT TTTTCCAATC AGTAACAACA 180  
 30 CGAACAGCGG GTTTTAAACAG TATAGATATA GCAAGCATT rCAAATCTAC CGCATTtAaTG 240  
 TTAATGCTAC TTATGTTTAT TGGTGGTGCC CCTCTCAGTG CAGCTGGAGG AATTAAAATA 300  
 ACTACTTTTG CAGTTGCGTT TATTTTTGTA CTAAATTATA KACGTAAAGA AAATAATGTT 360  
 35 TCAGTATTCA ATAAAGAAAT ATCTGACAAA CATATAAAC TATCTATTGT TACCATTAAAT 420  
 ATCTCATTTC TATTTATCAG CATCATTACT TTTATATTAT CGATAATTAA TCCGAACATA 480  
 40 TCATTAATCA AGTTATTATT CGAAGTGGTT TCTGCATTCTG GAACAGTAGG GTTAAGTATG 540  
 AACCTTACCA CAGAATATCA TGGTATTACT AAAATAATTA TTATATTCGT 590

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 465:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 905 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 50 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 465:

TATTGATT GANTCTTTTA AAATTATGTT TAAAAACATG TCTAATGATT CCGCATCATT 120  
 TTTTGACCA TCAATAAGCG TTTGAGcAAA CCCCTTAATT GAAGTAATAG GTGTTTTTAA 180  
 5 TTCATGTGAA ACATTTGCTA CAAATTCACG TCTTAGATTT TCAAGTTGTT TCAGATTGT 240  
 TATATCATGC ATCACaACTA AAATCCCTTG CAAACTTTTT TGAGACCTAG TTAAATCGG 300  
 AACGCATGAA ATATCAAAGT ACTTGGCATG GACTTGGTTT ATTGCAACTT CCAATTGTTC 360  
 10 ATAAATAGGT TTTTCAACTT TAAAACCTTC TAAATTAAT TGCTCAATTT CAGTATTAAC 420  
 ATAGCCGTGA TAGCCTACTT GTTCAATATT ATGCGAGATG TTGAAGTGT CATAATACGC 480  
 TTTATTTGCA ACAACGATTT TTCCATTTG ATCTATCATT AAAATAGCAC TTGGAATATT 540  
 15 TTCAATCGTT GTTTTTAAAC GGTTGGATTG AATTTTTTGC TCATTATTAA GCTTTTGAAG 600  
 GCGTCGTGCT AAATCATTTG TAGACACAAA AAGCGCTTTA GTTTCTACAA CATTACTTTC 660  
 20 AGGTACACGT ATGTGATAAT AACCATTTC CAACAATTGT GTTGCAATAG TAACCTCTTG 720  
 AATGGGACCG ATTAATGTAC GCTTAAACT ACGGCTTGCA AAATACAGAC AAATGAGTAC 780  
 AACTAAACAT GTCAAATAA GATATTTCCA CAACGTCCAA TGCATTTCTG TAATATCGTT 840  
 25 ATTGTAACTT TTAATCCATA CATGATAACC GTTAACCTTC TTATtAAAAA TAAAAACGTC 900  
 CCTTT 905

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 466:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1016 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 466:

TTTGGTTAGC CCATAAAAGA AAAAAACAAG TAGTCATTTT TAAACAACAT ATCAAGTCTA 60  
 40 CCCAAGAAAT ACGTTTTGAC AAAGCGAAAG TGCTTGAACA CAAAGATGAA ATAGCAAATT 120  
 TTATTTCTTT CGAACCACAA AGTTTGAAT TTTATTATTT TACAGAATCG GAATTTTCAG 180  
 45 AAGAACAATT AAATGAAGTT TCGCCAATTA GAATTAAATT CAATGTTATA AGACACACAA 240  
 AAGATTTGat AAAGCATATG CCGAATATAT TTTTGGcTAG ACTTATTTCA GAAGATAATG 300  
 ATAAAAAGAC ATATATGTTT TATAACGCA AAGTATTAAC CGATAACTTT TTAGATAAAT 360  
 50 ATATGCAGAA ATTTTCACCG GCAACATACA CAATAATATT TGTAATGTC TTAATATGGT 420  
 TATGTATGAT TTTATATTTA AATAATTTTT CGGATGTAAA ATTATTAGAT GTTGGCGGGT 480

ATTTTAGTTT TGAACATATA CTTATGAATA TGCTTTCATT ATTTATTTT GGTAAAATAG 600  
 TCGAAGCAAT TATTGGTTCA TGGCGGATGT TAACTGTATA CTTTATTGCA GGGTTGTTTG 660  
 5 GAAACTTTGT ATCACTATCA TTTAATACGA CTACAATTC AGTTGGGGCT AGTGGTGCTA 720  
 TATTGGTCT GATTGGATCA ATTTTTCGA TGATGTATGT TTCAAAAACA TTAAACAAAA 780  
 AAATGTTAGG ACAGTTATTA ATTGCATTAG TGATATTAGT TGGTGTCTCT CTGTTTATGT 840  
 10 CAAATATAAA TATTGTGGCG CATATTGGAG GATTCATTGG TGGTTTATTA ATAACTTTAA 900  
 TTGGCTATTA CTATAAAGTG AATCGcAATA TTTTTCGat TTAcLAATG GTATGCTGTc 960  
 15 tATATTTAwT GCACyTCmAA TTagAtTTTT ACmATTAAAG AAGATAATAw TTATAA 1016

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 467:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 406 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 467:

AACTTTAAAT TTAGACATCT TAAAACCTC TCTTAAACCA TGCCTATATC TCAAGATGAT 60  
 ATTTCAAATG AACAACTA TGTCTGAGA CCATTAATGA ATGATCATAA ATATTTCTTT 120  
 30 CTATAAAATT AGCTTTCCAA TAACTGTGTT GTTGCAATAT ATCATTCCACA AGTACACCAT 180  
 TTTCCGAAGT ATGATTATCT TTATCTATAC TAAAACAAT TTGTTTAGTT TTAGCATGGC 240  
 TAAATTGTTG AAGACCCTTA CACGATAAAC GTATAGCGTC TGAATTCTCA TTAAACAATG 300  
 35 CGGCTGGGCA AACAAATGAC ACATTGTACT TCATGTTTGA ACTTCGTTAC AATCaTCGTG 360  
 kCatTTTGat AAATAACAAT CCTCGTAAT kGATTAAAGTA TATTAT 406

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 468:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1378 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 468:

AGATAATACA CTTGAAGTTG GAATGGTTTG TGACGGTTAT TTAATGCGAA TTGAAAACTT 60  
 AACACCATCA AATTTCTTCA ACTCAGCAAG TGAAGATACG ATTACTAAAA TTAAATTAAA 120

AGGTACAGCG TTAAACTAA GAGAAGCCAT CAATTATGAT GAAATGGTTA TTGTAGATAG 240  
 TATGACGTAG TTCCTAATTA TGCKAAAAGG GATTGATGAA AAAGTGAAGG GCTTTTCATC 300  
 5 AATCCCTTTT ATTTTAGGGG AATTGAATAG ATAGTTTAA ACTATACGAA TTATTAATAT 360  
 TTGAGATTTA ATTGAAATAA GTTTTAAAAA TTGGAGGAGA TAGATTAAAGC GAAGTCATTT 420  
 AAAGGTGAAG TTAAGTGTAT TCACAAAAAn TAGCCACACT CATATGACAT CGGATGAGTG 480  
 10 TGGCTTAAGG ATCTATGGGG GGAGGAAnCC ATAGATGTTT ACTTTGATAG GCCAGATTAA 540  
 ATATCAAAGT ATGCGATTAT TTATAGCTTG ATGCAAAAGT GGTATGCCTA TTAAAAGTTA 600  
 CTGCACATAG CTTTAAATAT TCCGTTCAAA GGAAAGGGGC ATACAATTGA ACAATCTGTA 660  
 15 ATAGTACTTT TAACCAGCTA TGCTAAAAGT CTAGTAGGGA GAACAGTTGT CCAATCACAT 720  
 AAGAACCTCT AACTTCGTTA GTACGATTAA GAAAAGCTTT TTAGTTAGTA TGTAATACAA 780  
 20 TTTATTGACG CGCGTGAATC TCTTTTATAA GAGTGTGTAG GGAATGGCGT TGTATAAATT 840  
 GTATTAGAAG AACTTCTAAC GCATCTCTGT GGTAAAAGA GATGAAGGGA ACGACAGTTT 900  
 aATTAAAACT GCATAAGAAC TTCTAGCTTT TCTCTCTCGT TCAAAGAGAA GCAGcTGTTc 960  
 25 GCAGTTTAAT CAAAACCACA TAAAGCTTTT AACTTTACTC TTTGATTAA AGAGTGATAA 1020  
 ATGTTTACAG TTTAATTAAA ACTGCATAAG AACTTCTAGC TTTTCTCTTT CGTTCAAgAG 1080  
 AAGCAGCTGT TCGCAgTTTA ATCAAAACCA CATAAAGCTT TTAACTTTAC TCTTTGATTT 1140  
 30 AAAGAGTGAC AAATGTTTAC AGTTTAATTA AAAGTGCATA AGAACTTCTA GCTTTTCTCT 1200  
 TTCGTTCAAA GAGAAGTTCT AATACCACCA TATCGTGGGA TCGGGAACGG TATATATATT 1260  
 AATAGGAGGG TAATATATAT TTAACGCACG ATATGGGACT ATTAGCCTTC GACTTTGTTA 1320  
 35 TGTTGATGTG TGGCCTAAAA TATTGGAGAT ACCAATATTT TAGGTTGCAT CAACATCA 1378

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 469:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4171 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 469:

TCCCAACCAA TAATCGTGGC AAAAATACGG ATATTGGTAT GGCTTAACAA ATTGCAAATA 60  
 50 TCGTTTAATC ATACATCCCC CCTAATCTAT TGCCCTATCC TATTCaTAAG CATAAAAATG 120  
 AATAGAGGTT GGATACATAA TTTGTAGATG TAAATCTTC TTACAATTTA CATTTTAA 180



	TTATATTCTA TTCAATTAA TCTATGGATA CTGTGTCCCC ACACGACAGC AAAAGTTATC	300
	ATACTTCTTT ACATCACTAA GTCAATATAA ATGATTAAAT CAGTATTTAC ACTTTATTTG	360
5	CTTAATACTG TCTAATTTTT TTGTAACGTT CTTTCCAAAC TTTGATAAAA TCTGGCGCGA	420
	ATGGGCCCTT CTTCTGTTCT ATCCATTGTT GAAGAATGTC CACGTTGCGT CTTAAAATAA	480
	TATCAATATC ATGCGGATAA TTCATTGAT TCATATGTTG CTCATATTCA TCTTCATCTA	540
10	ATAAATGATA CTTTCCGTTT GGATATACTT TAATATCTAA ATCATAGTCT ATATATTTTA	600
	ATGCCTCTTC ATCACAACA AATGGTGATG ACAAATGCA ATAGTAATAA ATTCCATCTT	660
15	CTCTAAACAT GCAGATAACA TTaAACCAAT ATTCTGAGTG AAAGTaACA ATTGCCGGTT	720
	CACGTGTTAT CCAAGTTCTT CCGTCACTTT CAGTCACTAA CGTATGATCA TTTCCACCAA	780
	TGACAACATG ATCAGTACCC TTTAATATTG TTGTTTCAGA CCAAACGCGA TGAATCTTAC	840
20	CATCATGTTT ATAACCTCTGA ATTTAATGT TTTCCCTTC TTTAGGTATG GATTCTCTGA	900
	CCATACTCCA CACCACCTTC TGTTAATTTA ACCATTATAA ATTATAGCAT ATTTCAGAAA	960
	TAGTATTATA TAAATACATA TTTTACGAA ATAAGATTTT ACTACTTAAT AATTAAACTC	1020
25	GGTAATATTG CTAAGTACTA CAACAGAGAT TTACATGTCC CATTTAAAGT ATATAAAATC	1080
	ATCACTTTTA TATATCAACA CTTTAACTTT TTGACATTGT TATTCTATGA GATTTAAAGA	1140
	TATCATTTAT ACTTTTTAAA ATTAATGTCA CTATGTTTTC CGATAATATT ACCAATCATC	1200
30	GAATGTTACC CATTTATAAA TTGATAAATs TTTGACATAG GTACAGGGAA TGTATATTGA	1260
	TCTCGATCAC TTAAATCAAA CCAAATCATG TCATCTGGTA ATGTTTCAAT GTTAATTGCT	1320
	CCTGAAACGG CGTATACTTT AATCTTCCAT GTTAAATGAG TAAATTGATG CTTCAACTCA	1380
35	AAAATAGGTG TTTCTACTGG TTGAATGTCA TGACCGATTT TTTAGTCAT TTTACGTCTA	1440
	GCATGCTCAC TTTCAAACAT AGGAAATTGC CACATACCAT GCAATAATTT TCGCTACGC	1500
40	TTTTGCAACA GATATTGACC TTGATTATTT CTAATTAAAA AGACGGATTG CTCAATTACT	1560
	TTTTTACTTA CATTTTTAGA TTTAACAGGT AACTTTTCAA ATGTACCTTT ATCAAATGCC	1620
	TCACAGTTTT CTGAACTGG ACAAATAAG CATAATGGAT TTTTGGTGT ACAAATTAAC	1680
45	GCCCCTAATT CCATCATAGC TTGATTAAAC GTTCCAGCTT CTGTAGTAAC ATACGGTAAT	1740
	AATCTTGTGTT CGTACGATTT CCTCGTCGAT TGTAATTTAA TATCTCGATA GTCATCATTC	1800
	AATCTAGACC ATACTCGAAA AACATTTCCG TCTACAGTTG CTAGTGGTAC ATTATATGCA	1860
50	ATGCTCATTa CTGCAGCTTG TGTGTATGGG CCAACACCTT TTAACGCTTT AAATTGATCA	1920
	GGATCTTTGG GAACTAAGCC TTCATATTTA TCATGAACTT CTTTAATCGC CGTATGAAAA	1980

55

GCTTgACTCA AAACttCCAC AGTTGGAAAT CGTTCAACAA AACGATGATA ATAGTCAATA 2100  
 ACTGTTTTAA CTGTGTCTG TTGTAACATG ACCTCACTTA ACCAAATATA GTACGGATTG 2160  
 5 GTCGTTTGTC GCCATGGCAT TTCTCTTTGA TTTTCATCAA ACCAGTGTAT CAAATTTTCT 2220  
 TTAAAACTAG ACTGCTGATA CATTTATAAA ACCCTTTCCT CACCAAAATT AATTGTCTTT 2280  
 ACTCATAATG TTTTATTGT ACATTAAAAT CATGGTTAGT ATGTAAGTTA ATTTAGTTAT 2340  
 10 TTGCGAAATT GGATTATAAT AGTATATATA ATATTATGAA ATGAGTGAAC TGATATGGAC 2400  
 ACTGCAACAC ATATCGCAAT TGGGGTGGGC CTTACAGCAC TTGCAACTCA AGATCCAGCA 2460  
 ATGGCTTCTA CGTTTGGTGC AACAGCTACA ACCCTTATCG TTGGTTCATT AATTCCTGAT 2520  
 15 GGGGATACTG TTCTTAAATT AAAGGACAAT GCAACATATA TTTCGCATCA TAGAGGTATC 2580  
 ACGCATTCCA TCCCTTTCAC AATACTATGG CCAATTTTAA TTACATTTTT AATATTCACG 2640  
 20 TTCTTTAGTG GAACCAACCC ATTTTCATGTA TGGATGTGGG CTCAGCTCGC AGTATTTTAA 2700  
 CATGTCTTTG TAGATATATT CAATTCTTAT GGTACACAAG CGCTTAGACC TATCACAAC 2760  
 AAATGGATTG AATTAAGTGT GATTAACACA TTTGACCCTA TTATTTTCAC AGTTCTTTGT 2820  
 25 ATTGGTATTG TATTATGGGT TATAGGCTTG CATCCATTG CAGTCTTCTT TCCTATAATC 2880  
 GCTTTACTAA TCATTATTA CATGATTGCT TTTAAAATGA GAGCCGTAAT TAAGCAACAA 2940  
 GCTTTAAAAG CAATTCAACA AGAGCATCAC CCTGTAAAG TATTTGTTGC GCCAACATA 3000  
 30 AAATTTATGG AATGGCGTGT CGCGATACAA ACTGATGCAC ATGACTATGT TGGAAAAGCA 3060  
 TATGGTAGGA ATGTGGTGT TAGTGATAAA GTGGAACGTC AAACATTATC AACAGACTCC 3120  
 ATTTTATGGA AAGTCAAAGG TAATAAAGAT ATACGTACTT TTTTAAACTT TTCATCAATC 3180  
 35 TATCGTTGGC AAACAACAAC GTTAGCAGAT GGTTCTACTG AAATTCGTTT GATTGATTG 3240  
 CGTTATTTAA AAAATGATCA TTATTCATTT GTGGCAATTG CACATGTAAC AAACGATAAT 3300  
 GTCATAGACC ACTCTTATAT TGGCTGGGTA TTTACAGAAG ATAAGTTACA ACGTAACTG 3360  
 40 TATGCTAAAT AATTTCAAGT TATTATTCAC TAAAGTTAAT CTATAAAAAA TGAACAACCG 3420  
 GGCAGAAATGA AAATCAAAAC GATTTTACT CTGTCCGTT TTTAATGTA AAACATGAA 3480  
 TGCTTTTACA AAATCTAAAA TTTATATTGT TGCTAACAAA CTACCTTTAA TGACTCGAAA 3540  
 45 TATCAAAATC AGTATAGGAA AACAATATCT AGATGATATT CTAATTGTTT CTGATTCTCA 3600  
 CAGATTAATT TACACAACAG GTCAGCTAAA CATCATGAAG AAGTATCCGC CTCGTCTGTA 3660  
 50 CTATCATTG AAACATCCTG TTGATTATCa GTTTGTGTCA CTTTAGATGT TTTATTaTAA 3720  
 ATTGCGTGTG TCGTATACCT TGCTAATACG AAATTTACTG CAGCTATTAA ACATAAGAAT 3780

	TGTGCTATAC CATTAAACAAT GTAATACATT GGATTTAGCA TTAGGATGTG ATTGATAAAT	3900
	ACATGATTTG GATTTGGTAT GAAAATAATT GGTAACAATA AGAAACACAA TACACAAACC	3960
5	CCATAAAATA TGATATTTAT TTTTTCAGWT AACAGTCGAA TAAGACCAA AGTAACGGAT	4020
	ATTAATCCTA CAAAAATAGT TGCCATCACA ATAAAATAGA ATAGCGCTAT ATATGATGTT	4080
	TCGAAGTTTA CTGGTTTAAAC CAATGCACTA ATCATCGTCA AAATGACTAG CATAATAAAA	4140
10	CTTAAATAG ACATAATAAC TACTGGCGTC G	4171

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 470:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 9821 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 470:

	TGGTTGAAGT AGCAGTTAAT TCAAAATCTG CAACAGTTTC AGCAGAATaG GGGCTTTCAA	60
25	AATAATCAAA GGAGAATAAT TTATGACTAA AACTTTAAAG GTTTATAAAG GAGACGACGT	120
	CGTAGCTTCT GAACAAGGTG AAGGCAAAGT GTCAGTAACT TTATCTAATT TAGAAGCGGA	180
	TACAACCTAT CAAAAGGTA CTTACCAAGT GGCATGGGAA GAAAATGGTA AAGAATCTAG	240
30	TAAAGTTGAT GTACCTCAAT TCAAAACCAA TCCAATTCTA GTCTCAGGCG TATCATTTAC	300
	ACCAGAACT AAATCAATTA TGGTAAATAC CGATGACAAT GTTGAGCCAA ACATTGCACC	360
	AAGCACAGCA ACGAATAAAA TATTGAAATA TACAAGTGAA CATCCAGAAT TTGTTACTGT	420
35	AGATGAAAAT ACAGGAGCAA TTCACGGTGT AGCTGAAGGT ACTTCAGTAA TCACTGCTAC	480
	GTCTACTGAT GGAAGCGATA AGTCAGGACA AATTTCAAGT ACAGTAACAA ACGGATAGGG	540
	ATTTAAGGCG CAGTATATCT GCGTCTTTTT TATTTGAATA AAAGGAGCTA ATACAATGAT	600
40	TAAATTTGAA ATTAAAGATC GTAAAACAGG AAAACAGAG AGCTATACAA AAGAAGATGT	660
	AACAATGGGC GAACAGAAAA ATGCTATGAG TATTTAGAAT TAGTAAATCA AGAGAATAAA	720
45	AAAGAAGCAC CTAACGCAAC AAAAATGAGA CAAAAGAGC GACAGTTATT AGTAGATTTA	780
	TTTAAAGATG AAGGATTGAC TGAAGAAGAT GTTCTGAACA AGATGAGTAC TAAAACCTAT	840
	ACAAAAGCCT TACAAGATAT ATTTTCGAGAA ATCAATGGTG AAGATGAAGA AGATTCAGAA	900
50	ACTGAACCAG AAGAGATGGG AAAGACAGAA GAACAATCTC AATAAAAGAC ATTTTATCGA	960
	ACATTAAGAA AATACAACGT TTCTGTATGG AGCAGTATGG GTGGACATTA ACTGAAGTCA	1020

	AAGAAAAACA AAGTGAACAA AAAGTCATTA CAGGTACGGA TTTAAGAAAA CTTTTTGGAA	1140
	GCTAGAAAGG AGGTTAATAT GAATGAAAAA GTAGAAGGCA TGACCTTGGA GCTGAAATTA	1200
5	GACCATTTAG GTGTCCAAGA AGGCATGAAA GGTTTAAAGC GACAATTAGG TGTTGTTAAT	1260
	AGTGAAATGA AAGCTAATCT GTCAGCATTT GATAAGTCTG AAAAATCAAT GGAAAAATAT	1320
10	CAGGCGAGAA TTAAGGGGTT AAATGATAGG CTAAAGTTC AAAAAAGAT GTATTCTCAA	1380
	GTAGAAGATG AGCTTAAACA AGTTAACGCT AATTACCAAA AAGCTAAATC CAGTGTAATA	1440
	GATGTTGAGA AAGCATATTT AAAGTTAGTA GAAGCCAATA AAAAAAGAAA ATTAGCTCTT	1500
15	GATAAATCTA AAGAAGCCTT AAAATCATCG AATACAGAAC TTAAAAAGC TGAAAAATCAA	1560
	TATAACGTA CAAATCAACG TAAACAAGAT GCGTATCAAA AACTTAAACA GTTGAGAGAT	1620
	GCAGAACAAA AGCTTaaGAA TAGTAACCAA GCTACTACTG CACAACATAA AAGAGCAAGT	1680
20	GACGCGTACA GAAGCAGTCC GCTAAGCATA AAGCACTGTG TGAACAATAT AAACAAGAAG	1740
	GCAATCAAGT TCAAAAATA AAAGTGCAAA ATGACAATCT TTCAAAATCA AATGATAAAA	1800
	TTGAAAGTTC TTACGCTAAA ACTAATACTA AATTAAAGCA AACAGAAAAA GAATTTAATG	1860
25	ATTTAAACAA TACTATTAAG AATCATAGCG CTAATGTGCG AAAAGCTGAA ACAGCTGTTA	1920
	ATAAAGAAAA AGCTGCTTTA AATAATTTGG AGCGTTCAAT AGATAAAGCT TCATCCGAAA	1980
	TGAAGACTTT TAACAAAGAA CAAATGATAG CTCAAAGTCA TTTCGGTAAA CTTGCAAGTC	2040
30	AAGCGGATGT CATGTCAAAG AAATTTAGTT CTATTGGAGA CAAAATGACT TCCCTGGGAC	2100
	GTACAATGAC GATGGGCGTA TCTACACCGA TTACTTTAGG TTTAGGTGCA GCATTAAAAA	2160
	CGAGTGCAGA CTTTGAAGGG CAAATGTCTC GAGTTGGAGC GATTGCACAA GCAAGCAGTA	2220
35	AAGACTTAAA AAGCATGTCT AATCAAGCGG TTGACTTAGG AGCTAAAACA AGTAAAAGTG	2280
	CTAACGaAGT TGCTAAAGGT ATGGAAGAAT TGGCAGCTTT AGGCTTTAAT GCCAAACAAA	2340
40	CAATGGAGGC TATGCCAGGT GTTATCAGCG CAGcAGaAGC AAGTGGTGCA GAAATGGCTA	2400
	CAACTGCAAC TGTAATGGCT TCAGCGATTA ACTCTTTCGG TTTAAAAGCA TCTGATGCAA	2460
	ATCATGTTGC TGATTTACTT GCGAGATCAG CAAATGATAG TGCTGCAGAT ATTCAATATA	2520
45	TGGGAGATGC ATTAAAATAT GCAGGTACTC CAGCAAAAGC ATTAGGAGTT TCAATAGAGG	2580
	ACACTTCTGC AGCAATTGAA GTTTTATCTA ACTCAGGTTT AGAGGGGTCT CAAGCAGGTA	2640
	CTGCATTAAG AGCTTCGTTT ATTAGGCTAG CTAATCCAAG TAAAAGTACA GCTAAGGAAA	2700
50	TGAAAAAATT AGGTATTCAT TTGTCTGATG CTAAAGGTGA GTTTGTTGGA ATGGGCGAAT	2760
	TGATTAGACA GTTCCAAGAT AACATGAAAG GCATGACGAG AGAACAAAAA TTAGCAACAG	2820

55

	CAGATAAAAT TAATAGCTAT AGCAAATCAT TGAAGAACTC TAATGGTGAA AGTAAAAAAG	2940
	CAGCTGATTT GATGAAAGAT AACCTCAAAG GTGCTCTGGA ACAATTAGGT GGCCTTTTG	3000
5	AATCGTTAGC AATTGAAGTT GGTAAAGATT TAACGCCTAT GATTAGAGCA GGTGCGGAAG	3060
	GATTAACAAA ATTAGTTGAT GGATTTACAC ATCTTCCTGG TTGGGTTAGA AAGGCTTCGG	3120
	TAGGCTTAGC AATTTTTGGT GCATCTATTG GTCCTGCTGT TCTTGCTGGT GGCTTATTAA	3180
10	TACGTGCAGT TGGGAGCGCG GCTAAAGGCT ATGCATCATT AAATAGACGC ATTGCTGAAA	3240
	ATACAATTCT TTCTAATACC AATTCAAAAG CAATGAAATC TTTAGGTCTT CAAACATTAT	3300
	TTCTTGGTTC TACAACAGGA AAAACGTCAA AAGGCTTTAA AGGATTAGCC GGAGCTATGT	3360
15	TGTTTTAATT AAAACCTATA AATGTTTTGA AAAATTCTGC AAAGCTAGCA ATTTTACCGT	3420
	TCAAACCTTT GAAAAACGGT TTAGGATTAG CCGCAAATC CTTATTTGCA GTAAGTGGAG	3480
20	GCGCAAGATT TGCTGGTGTA GCCTTAAAGT TTTTAAACAGG ACCTATAGGT GCTACAATAA	3540
	CTGCTATTAC AATTGCATAT AAAGTTTTTA AAACCGCATA TGATCGTGTG GAATGGTTCA	3600
	GAAACGGTAT TAACGGTTTA GGAGAAACTA TAAAGTTTTT TGGTGGCAAA ATTATTGGCG	3660
25	GTGCTGTTAG GAAGCTAGGA GAGTTTAAAA ATTATCTTGG AAGTATAGGC AAAAGCTTCA	3720
	AAGAAAAGTT TTCAAAGGAT ATGAAAGATG GTTATAAATC TTTGAGTGAC GATGACCTTC	3780
	TGAAAGTAGG AGTCAACAAG TTAAAGGAT TTATGCAAAC CATGGGCACA GCTTCTAAAA	3840
30	AAGCATCTGA TACTGTAAAA GTGTTGGGGA AAGGTGTTTC AAAAGAAACA GAAAAAGCTT	3900
	TAGAAAAATA CGTACACTAT TCTGAAGAGA ACAACAGAAT CATGGAAAAA GTACGTTTAA	3960
	ACTCGGGTCA AATAACAGAA GACAAAGCAA AAAAATTTT GAAAATTGAA GCGGATTTAT	4020
35	CTAATAACCT TATAGCTGAA ATAGAAAAAA GAAATAAAAA GGAACCGAA AAAACTCAAG	4080
	AACTTATTGA TAAGTATAGT GCATTGATG AACAAGAAAA GCAAAACATT TTAAGTAGAA	4140
	CTAAAGAAAA AAATGACTTG CGAATTAAAA AAGAGCAAGA ACTCAATCAG AAAATCAAAG	4200
40	AATTGAAAGA AAAAGCTTTA AGTGATGGTC AGATTTCAGA AAATGAAAGA AAAGAAATTG	4260
	AAAAGCTTGA AAATCAAAGA CGTGACATCA CTGTTAAAGA ATTGAGTAAG ACTGAAAAAG	4320
45	AGCAAGAGCG TATTTTAGTA AGAATGCAAA GAAACAGAAA TGCTTATTCA ATAGACGAAG	4380
	CGAGCAAAGC AATTAAAGAA GCAGAAAAAG CAAGAAAAGC AAGAAAAAAA GAAGTGGATA	4440
	AGCAGTATGA AGATGATGTC ATTGCTATAA AAAATAACGT CAACCTTTCT AAGTCTGAAA	4500
50	AAGATAAATT GTTAGCTATT GCTGATCAAA GACATAAGGA TGAAGTAAGA AAGGCAAAAT	4560
	CTAAAAAAGA TGCTGTAGTA GACGTTGTTA AAAAGCAAAA TAAAGATATT GATAAAGAAA	4620

55

	GTGTTGGTGGTC	TAACCTTTAGA	GAAGACCAAA	AGAAGAAAAG	TGATAAATAC	GCTAAAGAAC	4740
	AAGAAGAAAC	AGCTCGTAGA	AACAGAGAAA	ATATAAAGAA	ATGGTTTGGA	AATGCTTGGG	4800
5	ACGGCGTAAA	AACTAAAAC	GGTGAAGCCT	TTAGTAAAT	GGGCAGAAAT	GCTAATCATT	4860
	TTGGCGGCGA	AATGAAAAA	ATGTGGAGTG	GAATCAAAGG	AATTCCAAGC	AAATTAAGTT	4920
	CAAGTTGGAG	CTCAGCCAAA	AGTTCTGTAG	GATATCACAC	TAAGGCTATA	GCTAATAGTA	4980
10	CTGGTAAATG	GTTTGGAAAA	GCTTGGCAAT	CTGTAAATC	GACTACAGGA	AGTATTTACA	5040
	ATCAAACATA	GCAAAAGTAT	TCAGATGCCT	CAGATAAAGC	TTGGGCGCAT	TCAAAATCTA	5100
	TTTGGAGAGG	CACATCAAAA	TGGTTTAGCA	ACGCATATAA	AAGTGCAAAG	GGTTGGCTAA	5160
15	TAGATATGGC	TAATAAATCG	CGCTCGAAAT	GGGATAATAT	TTCTAGTACA	GCATGGTCGA	5220
	ATGCAAAATC	CGTTTGGAAA	GGAACATCGA	AATGGTTTAG	TAACTCATAC	AAATCTTTAA	5280
20	AAGGTTGGAC	TGGGGATATG	TATTCAAGAG	CCCACGATCG	TTTTGATGCA	ATTTCAAGTT	5340
	CGGCATGGTC	TAACGCTAAA	TCAGTATTTA	ATGGTTTTAG	AAAATGGCTA	TCAAAAACAT	5400
	ATGATTTGGAT	TAGAGATATT	GGTAAAGACA	TGGGAAGAGC	TGCGGCTGAT	TTAGGTAAAA	5460
25	ATGTTGCTAA	TAAAGCTATT	GGCGGTTTGA	ATAGCATGAT	TGGCGGTATT	AATAAAATAT	5520
	CTAAAGCCAT	TACTGATAAA	AATCTCATCA	AGCCAATACC	TACATTGTCT	ACTGGTACTT	5580
	TAGCAGGAAA	GGGTGTAGCT	ACCGATAATT	CAGGAGCATT	AACGCAACCG	ACATTTGCTG	5640
30	TATTAAATGA	TAGAGGTTCT	GGAAACGCCC	CAGGTGGTGG	AGTTCAAGAA	ATAATTCACA	5700
	GGGCTGACGG	AACATTCCAT	GCACCCCAAG	GACGAGATGT	GGTTGTTCCA	CTAGGAGTTG	5760
	GAGATAGTGT	AATAAATGCC	AATGACACTC	TGAAGTTACA	GCGGATGGGT	GTTTTGCCAA	5820
35	AATTCCATGG	TGGTACGAAA	AAGAAAAAAT	GGATGGAACA	AGTTACTGAA	AATCTTGGTA	5880
	AAAAAGCAGG	GGACTTCGGT	TCTAAAGCTA	AAAACACAGC	TCATAATATC	AAAAAAGGTG	5940
	CAGAAGAAAT	GGTTGAAGCG	GCAGGCGATA	AAATCAAAGA	TGGTGCATCT	TGGTTAGGCG	6000
40	ATAAAATCGG	CGATGTGTGG	GATTATGTAC	AACATCCAGG	GAAACTAGTA	AATAAAGTAA	6060
	TGTCAGGTTT	AAATATTAAT	TTTGGAGGCG	GACTAACGCT	ACAGTAAAAA	TTGCTAAAGG	6120
45	CGCGTACTCA	TTGCTCAAAA	AGAAATTAGT	AGACAAAGTA	AAATCGTGGT	TTGAAGATTT	6180
	TGGTGGCGGA	GGCGATGGAA	GCTATCTATT	TGACCATCCA	ATTTGGCAAA	GGTTTGGGAG	6240
	TTACACAGGT	GGACTTAACT	TTAATGGCGG	TCGTCACTAT	GGTATCGACT	TTGGTATGCC	6300
50	TACAGGAACG	AACATTTATG	CTGTAAAGG	CGGTATAGCT	GATAAAGTAT	GGACTGATTA	6360
	CGGTGGCGGT	AATTCATATC	AAATTAAGAC	CGGTGCTAAC	GAATGGAAC	GGTATATGCA	6420

55

	ATCAGGTGCT ACAGGTAATT TCGTTAGAGG AGCACACTTA CATTTCCAAT TGATGCAAGG	6540
	GTCGCATCCA GGGAAATGATA CAGCTAAAGA TCCAGAAAAA TGGTTGAAGT CACTTAAAGG	6600
5	TAGTGGCGTT CGAAGTGGTT CAGGTGTTAA TAAGGCTGCA TCTGCTTGGG CAGGCGATAT	6660
	ACGTCGTGCA GCAAAACGAA TGGGTGTTAA TGTTACTTCG GCTGACGTAG GAAATATCAT	6720
	TAGCTTGATT CAACACGAAT CAGGAGGAAA TGCAGGTATA ACTCAATCTA GTTCGCTTAG	6780
10	AGACATCAAC GTTTTACAGG GCAATCCAGC AAAAGGATTG CTTCAATATA TCCCACAAAC	6840
	ATTTAGACAT TATGCTGTTA GAGGTCACAA CAATATATAT AGTGGTTACG ATCAGTTATT	6900
15	AGCGTTCTTT AACAAACAGAT ATTGGCGCTC ACAGTTTAAC CCAAGAGGTG GTTGGTCTCC	6960
	AAGTGGTCCA AGAAGATATG CGAATGGTGG TTTGATTACA AAGCATCAAC TTGCTGAAGT	7020
	GGGTGAAGGA GATAAACAGG AGATGGTTAT CCTTTAACT AGACGTAAAC GAGCAATTCA	7080
20	ATTAAGTCAA CAGGTTATGC GCATCATCGG TATGGATGGC AAGCCAAATA ACATCACTGT	7140
	AAATAATGAT ACTTCTACAG TTGAAAAATT GTTGAAACAA ATTGTTATGT TAAGTGATAA	7200
	AGGAAATAAA TTAACAGATG CGTTGATTCA AACTGTTTCT TCTCAGGATA ATAACCTTAGG	7260
25	TTCTAATGAT GCAATTAGAG GTTTAGAAAA AATATTGTCA AAACAAAGTG GGCATAGAGC	7320
	AAATGCAAAT AATTATATGG GAGGTTTGAC TAATTAATGC AATCTTTTGT AAAAATCATA	7380
	GATGGTTACA AGGAAGAAGT AATAACAGAT TTTAATCAGC TTATATTTT AGATGCAAGG	7440
30	GCTGAAAGTC CAAACACCAA TGATAACAGT GTAACATTA ACGGAGTAGA TGGTATTTTA	7500
	CCGGGCGCAA TTAGTTTTGC GCCTTTTTCA TTAGTATTAA GGTGTTGCTA TGATGGTATA	7560
	GATGTTATAG ATTTAAATTT ATTGAGCAT TGGTTTAGAT CTGTGTTTAA TCGCAGACAT	7620
35	CCTTATTATG TTATTACTTC TCAATGCCT GGTGTTAAAT ATGCAGTGAA TACAGCTAAT	7680
	GTTACATCTA ATTTAAAAGA TGGTCTTCA ACTGAAATTG AAGTAAGTTT AAATGTTTAT	7740
40	AAAGGGTATT CTGAATCAGT TAATTGGACC GATAGCGAGT TCTTATTCGA CTCTAATTGG	7800
	ATGTTTGAAA ATGGAATTCC TCTTGATTTC ACACCTAAAT ATACTCATAC ATCAAATCAA	7860
	TTTACTATTT GGAACGGTTC TACTGATACG ATAAATCCAC GATTCAAGCA CGATTTGAAA	7920
45	ATATTAAATTA ATTTAAATGC GAGTGGAGGA TTTGAACTGG TTAATTATAC AACAGGTGAT	7980
	ATTTTTAAGT ACAACAAAAG TATAGATAAA AACACTGATT TTGTTTTAGA TGGTGTGTAT	8040
	GCATATCGAG ATATAACAG AGTGGAATT GATACAAATA GAGGCATTAT AACATTAGCG	8100
50	CCAGGTAAAA ATGAATTTAA GATTAAAGGA GACGTCAGTG ATATTAAAAC TACATTTAAG	8160
	TTTCCTTTTA TTTATAGGTA GGTGATTTAA TGGATTATCA TGATCATTTA TCAGTAATGG	8220

55

ATTATGAACT GAATGAAGCT AGGTACATCA CCTTACAGT TTATAGAACT ACTCATAATA 8340  
 GTTTTGT TTTT TGATTTATTG ATTTGTGAAA ACTTCATAAT TTATCATGGT GAAAAATACA 8400  
 5 CAATTAAGCA GACAGCGCCA AAGGTTGAAG GTGATAAAGT TTTTATTGAA GTTACGGCAT 8460  
 ATCACATAAT GTATGAATTT CAAAATCACT CAGTGAATC AAATAAGCTT GATGACGACA 8520  
 GTAGCGAAAC TGGTAAAACG CCAGAATACT CTTTATAGTA GTACTTAAGA TATGGATTG 8580  
 10 CAAATCAAAA AACGTCAGTC AAGATGACCT ATAAAATAAT TGGAGATTTT AAAAGAAAAA 8640  
 TACCAATTGA TGAATTAGGT AATAAAAATG GCTTAGAATA TTGTAAAGAA GCAGTAGATT 8700  
 TGTTTGGTTG TATTATTTAT CCAAATGATA CGGAGATATG TTTTATTCTT CCTGAAACAT 8760  
 15 TCTATCAAAG AAGCGAAAAA GTAATAAGGT ATCAATATAA TACTGATACT GTGTCTGCTA 8820  
 CTGTCAGTAC GTTGAATTA AGAACAGCTA TAAAAGTTTT TGGGAAAAAG TACACAGCCG 8880  
 20 AGGAAAAGAA AAATTATAAT CCTATTAGAA CAACTGACAT TAAATATTCA AATGGTTTTA 8940  
 TAAAGAAGG TACTTATCGT ACCGCAACAA TTGGGTCTAA AGCTACTATT AACTTTGATT 9000  
 GCAAGTATGG TAATGAAACA GTTAGATTTA CAATAAAaAA GGGCTCTCaA GGTGGAATAT 9060  
 25 ATAAGTTGAT TTTAGACGGC AAGCaAATTA AGCaAATTTT TTGTTTTGCT AAGTCGGTTC 9120  
 AGTCTGAmAC AATAGATTTA ATaAAAAATA TTGATAAAGG CAAGCACGTT TTAGAAATGA 9180  
 TATTTTTTrGG AGArGrCCCC AAAAATAGAA TTGATATATC TTCAAATAAA AAAGCTAAGC 9240  
 30 CTTGTATGTA TGTTGGAAC TAAAAATCAA CAGTCTTAAA TTTAATTGCT GACAACTCAG 9300  
 GTCGCAATCA ATACAAAGCA ATTGTTGaCT ACGTCGAGA TAGTGCAAAG CAGTTTGGGA 9360  
 TTCGATATGC TAATACGCAA ACAAATGAAG ATATCGAAAC ACAGGATAAG CTGTTAGAAT 9420  
 35 TTGCAAAAAA GCAAATAAAT GATACTCCTA AGACTGAATT AGATGTTAAT TATATAGGTT 9480  
 ATGAAAAAAT AGAGCCAAGA GATAGCGTAT TCTTTGTTCA TGAATTAATG GGATATAACA 9540  
 40 CTGAATTAAA GGTTGTTAAA CTTGATAGGT CACATCCATT TGTAACGCA ATAGATGAAG 9600  
 TGTCTTTCAG CAATGAAATA AAGGATATGG TACAAATTCa ACAAGCGCTT AACAGACGAG 9660  
 TTATTGCACA AGATAATAGA TATAACTATC AAGCAAATCG TATAAATCAT TTATACACTA 9720  
 45 GTACTTTGAA TTCTCCTTTC GAGACAATGG ATATAGGGAG TGTATTAATA TAATGGCAAC 9780  
 AGAAGAAGTT AAAATCAAAG CGCTACTTGA AAACGATAAA C 9821

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 471:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1017 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 471:

5	TTATTGTTTT CCAAATGGTC TTCTCGGTTA TTAAACCATC GGTTTCAATC CTACGTGCTT	60
	CACCTTCTAT CtATTAAATC AaTTTCAGCT TGACCACCCG CTGTATAAAG GGTCAAAGTT	120
	GCTAATCGAT AGCGTCTCAT TATAGGACCA ACATCGATAT CAATATTTTG AATACGAAAA	180
10	TATGGTATTA CCTTTTCATC CAAAAATAAA ATGCCGTTTC GTACACGCAA ATGGTGTTTT	240
	TCAAATGCAT ATCTGCAGTG CTTATATCGA TAGACTGGCG CTATAACAAG CGTGAAAACA	300
	GCAACAAGTA ATATTATAAT CACACTACTA ACAATGGATA AATGGTTATC TAAAATCTCC	360
15	CAAAATAGCC AGTTCAAAAT ATTAAATGCG ATTAAAAGTA CAAGCGCTAT GGGTATCCAA	420
	AACAGCACAG CACTTAACCT CATCACTTTT TTAGCGTGTG GTGACATAAA ATTATAATCC	480
	CTCATCATTT TCACCTCTTA AATACCATGA TTTCAATTTA TTTGCATCTT CACTTCTTGC	540
20	GTATTTTAAG TTAATCGATT GGGCTCCCAC ACCTTTAGCA ACAATAAAGC TAAAATTATT	600
	TAAATGTTG CGTTTAAGTA ATGTATGTTG CCAAGTGTC AATCCTATAA TGTGATGCGC	660
	TTTAAATAA TAAATATTTT GTTTCAATAG CTCGAAATTC TGGATAGTAA TTTGTTCTTC	720
25	TGTCATTTTA AAACCCGCAT GTTTGACATA AAGATATCCT TTGATCACAA ATAAACCAAT	780
	AATGACTATT GTTATAATCG TAAATAACAA TAATAATTGA TTCCAAAAAT AACAGCCTAT	840
30	ACCTGCCATA GCTATGACAA TAATACTAGG TATTAAAAAG TGTCTGTGGA AACCTGACAA	900
	AGGCATACCT TCATTAACTT GTTGATAAGA TAAATCTGGT ACTAAATTCT GGATAATTTG	960
	ATATGCTTTG TCTCGTTTAA TAAACGGCaa TATCGGCACA CTACCTGAAT CATTGTC	1017

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 472:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6806 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 472:

45	TAGGATTGAT TAATCCTTTC TTCAAATGA TGAATGTGTA ATGTTAAATA TATAATTCA	60
	GACTCACTGA TATTAACATC AAATTGTTTT TGTATCATAG TTAATAATTT ATATGCTGTG	120
50	TTATAGCAAA TCGGATAGTG ATTTTAAATC ATAGACACAA AATCATCTTG TGCATGTATA	180
	TATTCTTTTC TTCTTAATCG GCGAATTAAA AATTGTACGT GCCTTATAAA ACGTTGGTAT	240

	TTAATAACAT TATTnGATCA AGGTCATCTC ATGCATAGAT AAATCTTCTG TATTaGATGC	360
	AATATGTAAT GCAATAAATC CTATCTCATC TTCAGGaAAA TGTaCATCTA ATGCTGCATT	420
5	TAAC TGATCA ATCACC TGTT TAGCAATATG ATATGCATCA CTATATAACT GCATAGTTTC	480
	CATAACAAAT GGATTGCTAA TAACTTGATT TTGTTTTAAG CGTTTATAAG CAAATATAAT	540
	ATGATCCGTT AATGAAACTA CAAGTTGTTT TGAATCAACA TTCATCGCAG TATTAGAAAT	600
10	AAAATTCAAC GAATCAATAA TTACTTGTA TACATTATCA TCAGCGATT CAACTAACT	660
	TTTATAATGT GCTTTTGT GCTCACTTTC TAATTTATAA ATTTTCTCTA TTGTAATAGT	720
	TTGGTCGTTT AACGCCATTC CCTCTTTTTT GTTAAACCA ATACCTTTAC CGATTAAAT	780
15	AAC TCTTGA TCATTATTAG TACATACTAC GACATTGTTG TTCAATGTT TAGTAACAAT	840
	ATATTCTCCC ATTATCATCA CCTATTTTTT TATTATTAAG ATTATATATC GGAAATGTCT	900
	AAC TTGAAAG TATAATAATT TAAATACTTG TGTTCTATTA CACGCCTATC CTATATGATA	960
20	TATCTTAATT TAATTTGAT GTCTCTCAA GTGGAATAAC TATAATAAAA AAATCTGACT	1020
	CCCATATTTA CAAATAATTC TATTTATTTA TATATTATCT GAATTAATAC TCAATACAAA	1080
25	CTAAAACGTA CTATTAAATT GTGCAAAGCT AAAACAAATT TATATTCATC TATCCAACAA	1140
	TATGCTTAT CAATGGTATA GTCTTTGCAC ACCAATGGAG GAAATAAATC TCAACCTTAC	1200
	TATATTAATA TATAATCAA TCTTAGATTA ACTAGTGTA TGATACAGAT GATAATTGAG	1260
30	TACAAATTTA AAACCCTGAG ATTTTCGCTT TAATTTGAAA ACCTCAGGGT TTATTTGATT	1320
	TTTATATAAT GAATCGTTAC ATTAAAAATA TTTATTTATC AGAGTTCTTA TATTGTAG	1380
	CGCCCCAAGC ACTAATTCCA AATAAGTTAA TTTCTAAGTT TTCAGGTTTA AAGACAGGGT	1440
35	TCTTGCCCTC TTTTTTCTGC TTTTGATAAT CTTTCATCAA TGCAAAAGCT ACATTGGACA	1500
	GTCTATAAT GGAAATAATG TTTACAATTG CCATTAAGCC CATAAATAAG TCTGCCGTAT	1560
	TCCATACTGT TTCTGTTTTT ACAACTGCAC CGACAAAGAC AAGTACTACA ACAAGACATC	1620
40	TAAAGATAAA TAATATTACA CGGTTTGTTG ATAAAAATTC AATATTAGAT TGACCGTAAT	1680
	AGTAATTACC TACAACAGAT GAAAATGCAA ACAGTGTAAC tGCTaTTGTT AAGAAAATAC	1740
45	CTCCAGCAGA ACCTAAATGC TCATTAAGTG CTGATTGAGT AACTGCAACA CCTTGAGGTG	1800
	CGTTATCACC AAATTTGAGT CCTGAATATA GTAAAATCAT GATTGCAGTT GCTGTACAAA	1860
	CCAACATTGT ATCAAAGAAC ACACCTAATG ATTGGATTAA ACCTTGCTTA ACAGGGTGTG	1920
50	GTACGGCAGC AGTTGCCGCT GCATTGGCG CAGAACCCAT ACCAGCTTCG TTAGAGAATA	1980
	AACCACGTTT GATACCTTGA AGAACCGCAG CACCTACAGC GCCACCAGTT ACTTGTTCTGA	2040

55

## EP 0 786 519 A2

	GCAATATTAC	TAAAACCATA	CCAATGTAAA	TGATAGCCAT	AATCGGTACA	ATTAACGAAG	2160
	ATAACGTAGC	AATACTACGT	ACACCACCAA	ATATAATAAT	AGCTGTTACG	ATTGCTAAAA	2220
5	TAATACCTGT	GATTACTGGA	CTAATATTAT	ATTGCGTATT	TAACGACTCC	GCAATTGTAT	2280
	TAGATTGCAC	TGTGTTAAAT	ACAAATGCAA	ATGTAATTGT	AATTAAAATC	GCAAATACGA	2340
	TACCTAGCCA	TTTTTGATTT	AAACCTTTAG	TAATATAGTA	AGCTGGACCA	CCACGGAATC	2400
10	CACCATCTTT	ATCATGTACT	TTATAAACCT	GAGCCAAAGT	CGCTTCTATA	AATGCACTCG	2460
	CTGCACCTAT	AAATGCAATA	ACCCACATCC	AAAATACTGC	ACCTGGACCG	CCTAAAACAA	2520
	TCGCAGTCGC	AACACCAGCA	ATATTACCAG	TACCAACTCT	CGAACCAGCA	CTAATCGCAA	2580
15	ATGCTTGGA	TGGCGAAATA	CCCTTCTTAC	CATCTTCTAA	AGTTTCTGGA	CGTTCTACTA	2640
	AAGCTCTAAA	CATTTCAGGT	AACATTCGTA	ATTGAACGAA	TTTAGAACTA	ATCGTAAAGA	2700
20	AGAATCCAGC	TGTCAATAAT	AGACCAATTA	AATATTGAGA	CCATATTAAA	TCGGTACCAA	2760
	CATGGACAAA	TTCTTTAAAC	CATCCAGGTA	TTAAACTATC	GAAATCTTTC	AAAATAAACC	2820
	CCTCGCATCC	TCTACATGAA	TCATGTACCT	TCTATAAAAT	TAGACCGAAT	TGAACCTTCA	2880
25	GTAAATATAG	AGATACATCA	TCATTTCTTA	TACAATACAA	GAGATTTATA	TTAGTTTGGT	2940
	CAAAGTATAT	CGCTAATTTA	ACGATAAGTA	CTTGGTCAGC	ATTTAATATA	AATCCCTTGA	3000
	ATTTAGTCAA	AATTTAACAT	TACTGTATTT	TATCATTTAA	TTTCGTGATT	GCATATAGTT	3060
30	TTTAGCTAAT	ATACATGTCT	ATTACTTCAC	CAAAATCATC	TGTATCTACA	ATGAATGAGC	3120
	CATTTGTATA	TTGTTTCAGAT	TTATGAATAT	CATTAAATTAA	ACCATGTTCT	TCATTTGATT	3180
	TTGAATATAA	TGTATATTGA	CTATGTTTAC	CTGTCACTAC	ATGTGCAGCT	ACAATACGAT	3240
35	GTGGATTTTT	CTTTAATTCT	TTTAATAAAG	TTATTCCaCG	TTGTGCTCTT	TTAGCAACTT	3300
	GTAAGATTTT	AAAATAAATA	CGTTTAAACG	AGCCGCGTTG	TGTGGCCATC	AATATAGTAT	3360
	CATTTTCAGA	AACACCTTCT	GTCATAACAA	CGAAATCTTC	AGCTTTAAGA	TTTATTGATT	3420
40	TAACACCAGC	TGCCCTTAAT	CCGGTATCTG	ATAGTTCACT	TGTATTATAC	GTTAATGACA	3480
	TACCTTTATT	AGTAATGACG	GTAATTAATT	GATCTTTTTC	AAAGCGCATA	ACACTAATCA	3540
45	AATCATCATT	TTCTTTAACT	TTAGTAGCAA	TTAAAGGTTT	ATTAAAACGC	GTTGTTTTAA	3600
	ATAGAGGCAC	TGTACTTTTC	TTAATCATGC	CATTTTGAGT	CGCAAAAACA	TAAAATGCAT	3660
	CTGTATTAAA	GTCCTTTTCA	TTAAAGACAT	TAATAACCAC	TTCATCTTCT	TCGATAGGAA	3720
50	CTATTTGTGA	TACATGTTGT	CCCAATTCTT	TCCAACGAAT	ATCTGCTAAT	TTATGAACCG	3780
	GTATAAATAG	ATAACGACCT	TTATTTGTAA	ATACTAGTAC	GGTATCTTGC	GTATTTACTT	3840

55

## EP 0 786 519 A2

	TAAAGCTACG AATAGAAGTA CGTTTAATAT ATCCATGACG TGTCACTACTT AAAATAACTY	3960
	CTTCACTAGG CACCATAACT TCTTTGTCAA TTTTAATTTT TTCAATTTCT GCTTCAATTA	4020
5	AAGACAGTCG TTCAGATTTG AATTCTTTTT TAATTTCATT CAATTCTTCT TTTATGACAT	4080
	TCAATAATGC ATCATGGTTA TCAAGAATAT GACGTAATTG TTTGATTAAT GCTTCAAGTT	4140
	CTTTATGTTT ACCTTCAAGC GCAACTATGT CAGTATTTGT TAAACGATAT AACTGTAACA	4200
10	TTACAATTGC TTCAGCCTGT TCTTCTGTGA ACTCGTATAC TTCGATAAGG TTTTCTTTAG	4260
	CGTCACGCTT GTTTTTAGAG CWACGAATCA ATTCGATTAC TTTATCTAAA ATTGACAACG	4320
	CTTTAATCAA ACCTTCAACG ATATGCATAC GTTTTTCTGC ATTATCTAAT TCAAACTTCG	4380
15	TTCTATTTGC AACAACTCA ATTTGGTGAT TCAAATAACT ATCTATAATT TGACGAATAC	4440
	CCATCAATTT TGGACGACCA TCACTAATAG CGACCATGTT GAAATTATAT GAAATCTGTA	4500
20	AATCAGAGTT TTTATAAAGA TAATTTTTGA TTGATTCACT GTTCACATCT TTTTCAATT	4560
	CAATTGCTAT TCGTAAACCA GTTCTATCAG TTTTCATCAG TACTTCAACG ATACCATCGA	4620
	CTTTTTTGTG AGCACGTAAT TCATCGATAC GTTTTACTAA GCTACTTTTG TTCACTTCAT	4680
25	ATGGAATTC AGTAATAATT AACTGTTTAC GTCCATTGCG TAAAGTTTCT TCTTCAACTT	4740
	TAGAACGAAC TATAATTCTA CCTTTACCTG ATTCATAAGC TTTTTTAATA CCATCAATAC	4800
	CTTGAATAAT ACCACCAGTT GGAAAATCAG GACCTTTAAT ATATTTTATT AATTGATTGA	4860
30	CTGTAATATC CGGATTATCA ATATATTTAA GTGTTGCTTG AATCACTTCA GCTAAATTAT	4920
	GTGGTGGTAT ATCTGTGCGG TAACCTGCAG ATATACCTGT AGAACCATTG ACTAGTAAGT	4980
	TAGGAAATCT TGATGGCAAT ACCATTGGTT CGAGTGTCGT ATCATCATAG TTTGGAATGA	5040
35	AAGAACTGT CTCTTTATTA ATATCACGTA ATAACTCTTC AGCTAGTAAG CTAACTTAG	5100
	CTTCAGTGTA ACGCATTGCC GCTGGCGGAT CATTATCGAT ACTACCATTA TTACCATGCA	5160
	TTTCTATTAA GACATGTCGT AACTTCCAGT CTTGACTTAA ACGGACCATT GCTTCGTACA	5220
40	CTGAGGAGTC TCCATGTGGA TGATATTGAC CAATAACATC ACCGACTGTT TTCGCACTTT	5280
	TACGGAAATT TTTATCGTGT GTATTACCAC TTGAATACAT TGCATATAAA ATACGACGTT	5340
45	GTACTGGTTT TAAACCATCA CGAACATCTG GCAATGCACG CTCTTGAATA ATATATTTAC	5400
	TATATCTTCC AAAGCGATCA CCTAAAACAT CTTCAAGTGA TAAATCTTGA ATTATTTTAC	5460
	TCACTAGATT TCCTCTCAT CAAATTGATC ATTTTCAAGC ACTTGTAATT CAGAATTATC	5520
50	TAAAATACTT TGGTCCTCTT GCATACCAAA CTCAACATGC TTTTCAATCC ATTCACGTCT	5580
	AGGTTGTACT TTGTCACCCA TTAATGTTGT TACACGTTTA GATGAACGCA CTTTATCTTC	5640

55

AGGGTTCATT TCACCCAAAC CTTTGTAACG TTGTAACGTG AaGCCTTTAC CAAGTTCCTT 5760  
 TTGCAATTTA TTAAGCTCTT CGTCTGTCCA AGCGTATTCA ACTCGCTTTG TTTTGCCTTT 5820  
 5 ACCTTTTTCC AATTTATAAA GTGGAGGTAA AGCAATAAAT ACACGACCTG CTTGAACAAG 5880  
 CGGTTTCATA TATTTGAAGA AGAATGTAA CAATAGCACT TGAATATGCG CACCATCAGT 5940  
 ATCAGCATCA GTCATAATAA TTACACGATT ATAATTACTA TCTTCAATT TAAAGTCAGT 6000  
 10 ACCAACGCCT GCCCGATTG TGTGGATAAT TGTATTAATT TCTTCATTT TAAAAATATC 6060  
 TTCTAGACGT GCTTTCTCTG TATTAATTAC CTTACCACGT AATGGTAATA TCGCTTGGAA 6120  
 TTTGCGGTCT CGTcCAAGTT TTGCTGAACC TCCCGCAGAA TCACCTTCGA CTAAATACAA 6180  
 15 TTCATTTTTT TCAGTGTTTT TACTTTGTGC AGGTGTAAAT TTACCAGATA GCAAAGTGTC 6240  
 TTTACGCTTG TTTTCTTAC CTGAACGAGC ATCTTCACGA GCTTTACGTG CAGCTTCCCT 6300  
 TGCTTGTTGT GCTTTAATCG CTTTTTTCAC AAGTGATTTA GACAATTGTC CTTTTTCTTC 6360  
 20 TAAATAGAAT GGCAATTTGT CTGCAACAAC TGAATCAACA GCACCTCTAG CTTCAGAAGT 6420  
 ACCCAATTTA GATTTCTGTTT GTCCTTCAA TTGCAATAAT TCTTCTGGAA TACGAACAGA 6480  
 CACAACAGCT GTTAAACCTT CACGAATATC ATTACCATCT AAGTTTTTAT CTTTTGTTTT 6540  
 AAGTTCATTA ATACGACGTG CATAATCATT AAATACACGT GTCATTGCTG TTTTAAACC 6600  
 AACTTCATGT GTACCACCAT CTTAGTACG TACATTATTT ACAAACCTTA AAATACTTTC 6660  
 30 TGAATATTGA TCATTATATT GGAAAGCTAC GTCTACCTCT ATACCATTG CTTACCTGA 6720  
 AAATGTAGCC ACGTCATGCA AAACCTCTTT TCCTTCATTG ACATAACTAA CAAACTCTTT 6780  
 GATTCCTTCT TATAATGGTA TGTCTT 6806

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 473:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1716 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 473:

GGGGCAnAAA TTCCAATACA CTCATTACCA AATATATACA CCACTTCCTG CTACAAGTnn 60  
 TTTTACTTGA TCTTGGTCTT TTCCGCAGAA AGAGCATTTT CAAATTTTCT TCATCTTCCA 120  
 50 TTGAATTTAA ACATTCTTTT TACACCCCTA TTCGTTAAAG ACTATACTAG ATTGGATGTT 180  
 ACAATGCAAC ATATTAACAT ACAAACCTTT TGCTTAAAGA ATAGTAGCAG ATACATAAGC 240

	CCcTCAACGA ACTTTGCGTT ATCTCTTAAT AAATCGATAA CTTTTTGGAT ACGAACATCA	360
	TTTTTAATGA TATCAGTATT ACCTAAAGTA TTTTGTATAT CTTCAACTGA GATATTAAAT	420
5	TGTTTACTCA TTTTTCTAA TTCTTTATCG ATATCTTCAT CAGTAGCTTC GATTTTTTCA	480
	GCTTCAGCGA TCGCAGTTAA AGTTAAGTTA GTTTTAACAC GTTGTTCTGC ATCGTCTTTC	540
	ATTTGCTCTC TTAATTGAGT TTCATCTTGA CCTGAGATTT GGAAGTACGT TTGTAAATCT	600
10	AAACCTTGTT GTTGAATTCT TTGTGCAAT TCAGACACCA TACGATCTAA TTCAGTATTA	660
	ACCATTGCTT CAGGAATATC GATTGTTGTA TTATCAGTAG CTTTTGTAAT CGCTTCTTCT	720
	TTTTCAACAT TTTCAGCATC TGTAGCTTTT TGTTTCAGCTA AACGTTTACG TAAGTTTTCT	780
15	TTGTACTCGT CTA CTGTATT TGCTTCTGCA TCTAATTCAT TAGCAATTTC ATCTGTTAAT	840
	TCTGGGACTT CTTTAAATT AATTTCTGTTA ACTTTTGTTT TGAAAGTTGC TTCTTTACCG	900
20	GCTAATTCTT CAGCATGGTA TTCTTCTGGG AATGTTACGA CAACATCTTT TTCTTCGTCA	960
	ACTTTCATAC CTTCTAATTG CTCTTCGAAA CCAGGTATGA ATGAACCTGA ACCGATTTCT	1020
	AAATCGTAAC CTTCAGCTTG TCCACCTTCG AATTCTTCTC CGTCAACTGA ACCACTAAAG	1080
25	TCGATGTTAA CTGTGTCGCC ATTTTCAACA ACACCATCTT CTTTAACGAC CATTTTCAGCT	1140
	AAATGTCCTA AGCTGTGGTC AATCGCTTCT TGTAACCTCAT CATCAGATAA TTCAGTTTCT	1200
	TGTTTTTCAA TTTCAAGACC TTTATAGTCT CCTAATTTAA CTTCTGGCTC AACTGTAACT	1260
30	GTTGCTTCAA AAATGAAATC TTTACCTTTT TCAATTTGAG TAACACTTAC TTCTGGTTGT	1320
	GCAACTGGTT TAATATCAGT TTCGTCAATT GCTTCACCAT AAGCATCTGG TAATAAAATG	1380
	TCGATAGCAT CTTGATATAA TGCTTCTACA CCAAAGCGTT GTTCAAAAAT TGGACGTGGC	1440
35	ACTTTACCTT TACGGAATCC AGGTACGTTA ATTTGTTTAA CCACTTTTTT GAATGCTTGA	1500
	TCTAACGCTT TGTTTACTTT TTCTGCAGGA ACAGTAACAG TTAATAAACC TTCGTTACCT	1560
	TCCTTTTTTT CCCAAGTTGC TGTATGTAT ATATACCTCC ATGATTAACT AATTTATTTT	1620
40	TTCAACTTCC CTATTATATC ATACGTCTAT TCCCTATACA AACATTGAAA TCACAACGTT	1680
	TATATATTG TAAATCAACT TTTTTCGTCA AAACCTA	1716

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 474:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 795 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

TGACCAAGTA CGTTTCGAAG TTGCCATTAA AGCATTAAAC CCATCATTGA AAGCATTTCG 60  
 ACCTGTACGT GAGTGGGCAT GGAGTCGTGA AGAAGAAATC GATTATGCAA TTAAACATAA 120  
 5 TATCCCTGTA TCAATCAACC ATGATTACCC TTATTCTATC GATCAAAATC TATGGGGCAG 180  
 AGCGAATGAA TGTGGTATTT TAGAAGATCC TTATGCTGCG CCACCAGAGG ATGCGTTCGA 240  
 TCTAACAAAT GCTTTAGAAG AACACCAGA TACTGCTGAT GAAATCATT TAACGTTTGA 300  
 10 TAAAGGCATC CCAGTTCAAA TTGATGGCAA AACATATGAA TTAGACGATT TAATTTTAAC 360  
 GTTGAATGCA TTAGCTGGTA AGCATGGTAT CGGAAGAATT GACCATGTAG AAAATAGACT 420  
 TGTAGGTATC AAATCAAGAG AAATTTATGA GGCACCTGCT GCAGAAGTTA TTTTAAAGC 480  
 15 GCATAAAGCA TTAGAAACGA TTACGTTAAC GAAAGATGTC GCACACTTTA AACCAATCAT 540  
 TGAGAAGCAA TTTGCTGAAC AACTATACAA TGGACTTTGG TTCTACCTT TAACTGATAG 600  
 CTTGAAATTA TTTATTGATA GTACTCAGCA ATACGTAAGT GGTGATGTCA GAATTAAATT 660  
 20 ATTCAAAGGT AATGCCATCG TGAATGGTAG AAAATCACCT TACACATTAT ATGATGAAAA 720  
 ATTAGCAACT TATACAAAAG AAGATGCATT TATCAAGAC GCTGCTGTTG GCTTTATCGA 780  
 25 TATCTATGGT TTACC 795

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 475:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

30 (A) LENGTH: 887 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 475:

CGATTGAAAG AAGACGGTTC AGTTGAAAAG TTTCCAAAGC CAGTAATTAG CCAACAACCA 60  
 GAAGGATATA CGAGTCATTT TAGAGATCCT AAAGTTTTTA AATATGATG GAAATATTAT 120  
 40 GCAATCaTTG GTGmCaAAA TAATGATCaG CaAGGTCGAT TATTACTTTA TAATACTGAA 180  
 GATATAATTA ATTGGCATT TTTAGGTGAA ATAAATACAG AGTTGGATGA TTTTGGATAT 240  
 45 ATGTGGGAAT GCCCAGATTA CTTAATGTA GATAATCAAG ATGTCATACT TATTTGTCCA 300  
 CAAGGTATTG AACCAAAAGG CGATCAGTTC AAAAATATTT ATCAAAGTGG TTATATACTT 360  
 GGAAAGTTTG ATATTGAAAA GTTAACATAT GAACATGAAA ATTTGTGCGA GCTTGATAAT 420  
 50 GGTTTTGATT TCTATGCACC TCAAACATTT TTAGATGAAA AAGGCCGACG AGTACTAATT 480  
 GGATGGATGG GGTTACCGGA AATCGAATAT CCTACTGATA ATGAAGGATG GGCCCATTCG 540

55

GCGTTGGAAA AATTACGTCA CAATAAAGAG ACAGCATTtA GGctACGCAA ATAAATTTAC 660  
 TCGAAAATTA CATCCGTATG AAGGTAAACA GTATGAATTA ATCATAGATA TTTGGATAA 720  
 5 TGATGCTACC GAAGTGACT TTGAATTACG TACATCTAAG ACTTCTTCAA CATTAAATTGC 780  
 TTATAACAAG CGTGAAAATA AAATAACATT AGATCGCAGC GACAGTGGTT TATTGCCGAC 840  
 AAATGTTGAA gGTACGACGC GTAGTACGAT ATTAGACACG CCATTAA 887

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 476:

(1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1183 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 15 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 476:

TTGGAAnCAA AAAACCATTG GTAAACCGTG TTnAACCGGA TTTCCGATGG ACCTTTTAAA 60  
 ACnACCnAAT AGAAAGCTTT GATAAAAGGT AATTATGGTA CTGATAACAA ACAAGTTCAA 120  
 25 AAACATCATG ATTTAGTACG TATGCTTTTG ATGGATCAAG ATGGTTTTTTT AACTGAAAAT 180  
 AATAAAGTTG ATCATTTCAT TGATGGAAAT GATTTATATG ATCAAGTTTTT AAAAGATATT 240  
 AAAAATGCAA AAGATATATC CATTTAGAGT ACWATACTTT CGCTTwAGAT GGTTwAGGTA 300  
 30 AAAGAATTTT ACATGCTTTA GAAGAAAAAT TGAAACAAGG TCTAGAAGTA AAAATATTAT 360  
 ATGATGATGT TGGATCTAAA AATGTTAAGA TGGCAAATTT TGATCATTTT AAATCGTTAG 420  
 GTGGAGAAGT TGAAGCATTT TTTGCTTCAA AATTACCGTT ATTGAATTTT AGAATGAATA 480  
 35 ATAGAAATCA TAGAAAAATC ATCGTAATCG ATGGTCAACT AGGTTATGTC GGAGGATTTA 540  
 ACATTGGTGA TGAATATCTm GGATTAGGAA AATTAGGATA TTGGAGAGAT ACGCATTTAC 600  
 GTATACAAGG GGATGCGGTT GATGCACTGC AGTTGCGATT TATTTTtagAC TGGAAATTCGC 660  
 40 AAGCGCACCG TCCACAATTT GAATATGATG TTAAGTATTT CCCTAAAAAG AACGGACCAT 720  
 TGGGCAATTC ACCAATTCAA ATAGCTGCAA GTGGCCCCGC TAGTGACTGG CATCAAATTG 780  
 45 AATACGGTTA TACAAAAATG ATTATGAGTG CAAAGAAATC TGTATATTTA CAATCACCAT 840  
 ATTTCAATTCC GGATAATTCA TATATaAATG CCATTAAAT TGCTGCTAAA TCAGGTGTAG 900  
 ATGTACATTT AATGATTCCA TGTAAGCCAG ATCATCCATT AGTATATTGG GCGACATTTT 960  
 50 CAAATGCCTC TGACTTATTA TCAAGTGGTG TTAaAATTTA TACGTATGAA AATGGATTTA 1020  
 TACATTCTAA AATGTGCTTA ATTGATGATG AAATCGTATC AGTGGGCACA GCAaATATGG 1080



CTAAAGATTT AAGGGTGGCT TATGAACATG ATATTACAAA ATC

1183

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 477:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2332 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 477:

GGTTATATGT TTGGTATTAC TCATTATATT GATTGGAGGT TGTGTCATTA TGACAAAAAC	60
AAATGGTCGA AACGCTCAAA TTAAAGAAAA TTTCAACAAA ACATTAAGTG TATATCTAAC	120
CAAGAATCTC GATGATTTTT ACGATAAGGA AGGTTTTCGA GATCAAGAAT TTGATAAAAG	180
AGATAAAGGG ACTTGGATTA TTTATTCTGA AATGGTTATC GAACCAAAG GGAAnAATAT	240
GGAATCGAGA GGAATGGTGC TCTATATCAa TCGCAATACT AGAACmACGA AGGGTAATTT	300
TATTGTCACC GAAATAACTG AAGATAGTAA AGGATATTCA CGTAGTAAAG AAAAAAATA	360
TCCTGTCAAG ATGGAAAATA ATCGAATTAT TCCAACAAAG CCTATACCGG ATGACAAGTT	420
AAAAAAGAG ATTGAAACT TTAAGTTCTT TGTACAATAT GGAAATTTTA AAGATTTTAA	480
AGATTATAAA AATGGTGATA TTTCATATAA TCCTAATGTG CCAAGTTATT CTGCAAAGTA	540
TCAATTGAAT AATGATGACT ATAATGTTCA ACAGTTAAGA AAACGATATC ATATTCCAAC	600
CAAACAAGCG CCCGAATTAA AATTGAAAGG ATCCGGCAAT TTAAAAGGCT CATCCGTAGG	660
ATCTAAGGAT CTAGAATTTA CGTTTGTAGA AAATCAAGAA GAGAATATCT ATTTTTCAGA	720
TTCGGTCGAA TTTACACCTA GCGAGGATGA TAAATCATGA GTCAAACGGA ATATCAAATA	780
AAATCTGGCA ATATAAAGG TAACTCTGAA GAAACAAGTA CAGTATCTAA TATAAGTTAT	840
GAAATAGAAA ACGCAAATAA CAGTGGTTTA AAACAAAATA AAATTGATAA ACAAATTAAA	900
AAGTTACAAG AAAAAATAA ATTCCCTAAA AATCTTTCAT ATCTTAAAAG TTATACGGAC	960
CCCAAAACAG GCACGACTAC AAGCGCCTTT TTAAATAAAG ACACTGGCAA AGTTACTTTA	1020
GGTATGACAG GTACTAATGT ACACAAAGAC GCAATATTAA AACAAACATT TGGTGTTCCT	1080
TCTTATCAAG GATATATAGA CGTGAGTGAA ACgCTaAAAG ATATTGGGGC CGATGTCAAT	1140
ATTGGCCTTC ATTCCGTCAC AGATAAAGAT CCACATTATA AAAATACCCA AGACTTTATC	1200
AAAAATATCA AAAAAGACTA TGATATTGAT ATTATTACCG GACATTCGCT GGGCGGTAGA	1260
GATGCGATGA TTTTAGGTAT GAGTAATGAT ATTAAACATA TCGTTGTGTA TAATCCAGCT	1320

ATTGAAAAGT ACGATGGTCA CATTGTAAGA TTTGTGTCTG ATGAAGACGA ATTAGATGCA 1440  
 GGTGTCCGCA ATCATTATA TGAAACTGCT GGAGAAAAA TAGTACTTAA AAATGGAGAA 1500  
 5 GGCCATGCAA TGAGTGGTAT TTTAATGAGC AGAACACAGG CTATAATCTT AGCTGAATTA 1560  
 AACAAAGTTA AAGGCTACCA AGACGAAAAT AATAAAGCAT TAAAATCCGT TCGTAAACAA 1620  
 ACGAGGCATA GATTACATAA AGTAGAGACG TTAAGAGCGA ATTGGATTCA AACACGGGT 1680  
 10 GGATCACTCT CTTCCTCCCW ACAACAATTA TTAGAAGCTT TAACAGCACT AACCATTGCC 1740  
 GAAGGCTTAA ATCAATTAGT GAATGAAGAA AGCCAACATT TGAAAAAATG TATCACGCGA 1800  
 TGGCACATAA ATTTGGAGAC AACTGGAAAA AAGCGCAAGA AGTTGGAAAT GAAATTGGTG 1860  
 15 AAAAATTAACT CTCTGAAGAG GTTATAGATG TATTAAGAAA AGGTGGCGCG TATGAAAGTa 1920  
 AACTTGAAAC AGATCCCAAA AGAAAAATTG ATGATAAGAT AAAGAAATTA AATGATGTTT 1980  
 ATAAAAATTG TAATGGCTAT ATCGCAAAAA TTAAACAGAG TATCGAAGCA ATTGTTTCTA 2040  
 20 ATGACCAAAT GTTAGCGAGC CAGATTGATG GGATGATGTA ATGTTTACTA CGTATAAaAA 2100  
 TATTAATGAA CTTGAAAATG CCTATGATGA AGAAAGAAAA CAATTGAATG ATGCATTCAA 2160  
 TCAAAATTGAT GAATTAAGAC ATCAAACACG CAAGAmATGT GAACAAATGT ATGATCATTT 2220  
 25 CTTATATCTC AAACATAAAA TGAATTmymS TGAAGACGCT ATGATCAGGA TGACACGTAT 2280  
 TATAGAATCT TTCGATAGAG AAACGAATCA ACGTATCCGA CATCACGAAA TG 2332

30 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 478:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 865 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 478:

40 TTTACTACCC AGTATCTCTT TTTATAAATT ATATAGCCAC CACATATGGT GGAAAGTCTT 60  
 TTTAATTAGA ATTTTGTTTT TTCAGTTAAG AAAGCTTCTA ACTCTGAGAT TGGCATACGA 120  
 45 ACTTGTTCCA TTGAATCTCT GTCACGTACT GTAACCTGAT TATCTTCTAA TGAATCAAAG 180  
 TCGAATGTtA CACAATAAGG TGTaCCGATT TCATCTTGAC GACGGTATCT TTTACCGATA 240  
 GATtGTGATT CATCGAAATC GATTGAGAAT TTAGAACTTA ATTGCTCAAA AATCTTAATC 300  
 50 GtTCGCCAGA TAATTTCTTA CTTAAAGGTA AAATCGCTGC TTTATATGGT GCTAATGCAG 360  
 GATGGAAGTG TAAACTGTa CGTGCACTCT TACTACCTTC AACGCCTTCT TCATCATATG 420

55

	GAATATATTT TTCGTTTCGTT TCTGGATCAT GGTATCTGAA ATCTTCACCA GAGTGTTCAG	540
	CATGTTTACG TAAGTCGAAG TCTGTACGAC TTGCGATACC CCATAACTCA CCCCACCAA	600
5	ATGGGAATTT ATATTCAATA TCAGTTGTTG CATTTGAGTA ATGAGATAAT TCATCTTCAT	660
	CATGATCAGC TAAACGCATA TTTTCACTGC TCATATTTAA GCTTGTTAAC CAGTCACTTG	720
	CAAAAGTTTT CCAATAATTT TGCCATTGCA TTTCTTCTCC AGGTTTACAG AAGAATTCAA	780
10	GTTCCATTG TTCAAATTCT CTTGTTCTGa AAATGaAGTT ACCTGGAGTG aTTTCaTTAC	840
	GGaATGaTTT ACCAATTGg ACCGG	865

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 479:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1444 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 479:

25	TAATGAGTAA ATAAGTACCA GATAAAATCA TGAATATCAT CCAACATGCG GTTAACTCTA	60
	CTAAATAATT AATAATAGTA TTTTCAGTAA ACAAAGAACT ATGTATACTT CGCATCACAT	120
	TAGAATACGT ATGTTTCGCA TTTTGATCTG CAACAAATTG ATTGTTATGA TCTAGAAAGA	180
30	CGTAACGTTG ATTTCTGCCC ATATCACTCA GTGTAATTCTG TTTGTTATAT GGTTCATCAA	240
	GTATGCTAAC TTTACTTACA AAGAATCCTT CATATTGTTG TTCAACTTGA TGTACTGCAT	300
	CATTTAATGT TTGATGCGTT TTTACATCAC TGTCACCAA AAACTCATTG TTATAAATAT	360
35	TATTTTCAAC TTCTGGAAAG AACAGTAAC CAATGCCCGA AATGGTTAAA GTGATTAACA	420
	GTGGAGCAAT AAATATTGCT GCATAGAAAT GTAATCTTTG TAATGGATTA AATGTATTTT	480
	TCATATTTCC CTCCCAATTG GCTATTATAC GGTGTCAATT CTGTGATGTG TGTGAACAAA	540
40	CTGTGACAAT ATTTATTTTC TAGAAAAATT TAACGATGAT TTGTGATTTT TAGAAAAATG	600
	AACTTTTAAG TTGGAATGTT TGAAGAAAT TGATTATTCG TATGTTTTAT CAAGCAGCTA	660
45	TGATAAAATT TAAACATAAT ACAATGCGAG CCATTTAACG ATCTATGTTT AAATGGACAT	720
	CGATATTGTA TGAATTCGTT GTAACAAGCA AGCATTCTTA TGTGAACGAA CCAAAGGGGA	780
	AAGTAACATG ATTAATAAAG AACAAATTAGA TCTTTTATAT AAATTAATAA AAGAAGTTGA	840
50	AAAGTCGCGA AATGAAGCAC TTTTACATAC AATTAACCAA GTAATTAAGA AAGTATATTT	900
	GCAGCAATAT ACATGTTTCGT TCGTTGGACA TTTTCTGCA GGTAAATCGA CACTGATAAA	960

TATTGTGTCA GTTTCAGACA ATCACGATAT TATTGCTAAT TTGCCGAATC AAACGTATGC 1080  
 CAAATTATCT AATTATGATG AAGTAAGGGA AATGAATCGC CAAAATGTCG ACGTTGAATC 1140  
 5 TGTAGAAATT AATTTTCAAT CAGCTAAATT TGAAAATGGG TTTACGTTGC AAGATACACC 1200  
 AGGTGTTGAT TCAAATGTTG CATCACATCA GTCAATAACA GAACAATATA TGTATACAAG 1260  
 TAATATGATA TTTTATACGG TTGACTATAA CCACGTTCAA TCTGAACCTA ACTTTAAGTT 1320  
 10 TATGAAGCAT ATAAATGATG TTGGaATACC TGTTGTGTTT ATCATTAAATC AAATTGACAG 1380  
 CATCCAAGAC GATGGAATTG TCATTCTCTA CGTnTTAAAT CTCGAGTTGG AAAAATCAAT 1440  
 TGGC 1444

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 480:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 6309 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 480:

GCAGCAGCTT ATCGTGAGTT ATCATTATTA TTACGTAGAC CTCCAGGTCG TGAACCATAC 60  
 CCAGGTGACG TATTCTACTT ACATAGTAGA tTATTAGAAA GAGCAGCAAA ATTAAACGAT 120  
 30 GACTTAGGTG GCGGTTCAAT TACTGCATTA CCAATTATCG AAACACAAGC TGGTGATATT 180  
 TCAGCTTATG TACCAACAAA CGTTATTTCA ATTACAGATG GACAAATCTT CTTACAATCT 240  
 GATTTATTCT TCTCAGGTGT AAGACCAGCG ATTAATGCCG GACAATCTGT ATCTCGTGTT 300  
 35 GGTGGATCTG CACAAATTAA AGCAATGAAG AAAGTTGCTG GTACGTTACG TCTTGACTTA 360  
 GCGTCATACA GAGAACTTGA ATCATTTGCA CAATTCGGTT CAGACCTTGA TGAATTTACT 420  
 GCAAGTAAAT TAGAACGTGG TAAACGTACT GTTGAAGTCT TAAAACAAGA TCAAAACAAA 480  
 40 CCATTACCAG TCGAACACCA AGTGTTGATT ATTTATGCAT TAACAAAAGG ATATTTAGAT 540  
 GATATTCCAG TTGTAGATAT CACACGTTTT GAAGACGAGT TAAACCACTG GGCAGAATCA 600  
 AATGCTACTG AACTGTTAAA TGAAATCAGA GAACTGGTG GCTTACCAGA TGCTGAGAAG 660  
 45 TTTGACACAG CAATTAACGA ATTCAAAAAA AGCTTTAGCA AATCTGAATA ATAAACAAGT 720  
 TTAGTATAAG GTGGTGAGAT AGTGUCTTCT CTAAAGAAA TAGATACTCG AATAAAATCA 780  
 50 ACCAAAAAAA TGAAGCAGAT TACGAAAGCG ATGAACATGG TATCAAGTTC AAAACTTCGT 840  
 AGAGCTGAAA AAAATACAAA ACAATTCACA CCATATATGG ATAAAATGCA AGATGCAATT 900

## EP 0 786 519 A2

	ACTAGAAGTG GATATTTAGT TATCACGAGT GATAAAGGTT TAGCAGGTGC ATATAGTGCA	1020
	AACGTGCTTA AAAAATTGAT TACTGATATT GAAGCGAAAC ATCAAGATAG TAGCGAATAC	1080
5	AGTATTGTAG TTTTAGGGCA ACAAGGTGTT GATTTCTTAA AAAATAGAGG TTATGACATT	1140
	GAGTATTCTC AAGTAGACGT ACCTGATCAA CCTTCTTTCA AATCTGTTCA AGCACTAGCT	1200
	AACCATGCTA TAGACTTATA CAGTGAAGAA GAAATTGATG AATTAAATAT ATACTATAGT	1260
10	CATTATGTCA GCGTTCTTGA AAACAAGCCT ACATCTAGAC AAGTATTACC ATTATCTCAA	1320
	GAGGATTCTA GTAAGGGGCA TGGTCATTG TCTTCTTATG AATTGAGCC AGATAAAGAA	1380
	TCTATCTTAA GTGTAATCTT GCCTCAATAT GTTGAGAGTT TGATTTACGG AACAAATATTA	1440
15	GACGCAAAAG CAAGTGAGCA TGCAACACGT ATGACTGCGA TGAAAAATGC CACTGATAAT	1500
	GCAACTGAAC TTATTGATGA CTTATCATTGA GAATATAACA GAGCGAGACA AGCAGAAATT	1560
20	ACGCAACAAA TTACTGAAAT TGTGTTGGT TCCGCAGCGC TTGAATAATA TTTAAAGGAG	1620
	GAAATAGCA TGGGAATTGG CCGTGTAAC CAAGTTATGG GTCCTGTAAT TGATGTTTCA	1680
	TTTGAACATA ACGAAGTTCC TAAATTAAT AACGCCTTGG TTATTGATGT GCCTAAAGAA	1740
25	GAAGGTACAA TACAATAAC ATTAGAAGTT GCGCTGCAAT TAGGTGACGA CGTTGTTTCGT	1800
	ACAATTGCGA TGGATTCAAC TGATGGTGTC CAAAGAGGCA TGGATGTAAA AGATACAGGC	1860
	AAAGAAATTA GTGTACCTGT TGGTGACGAA ACATTAGGTC GTGTATTTAA TGTACTAGGT	1920
30	GAAACAATTG ACCTTAAAGA AGAAATTAGT GATTCTGTTT GCCGCGATCC TATCCATCGT	1980
	CAAGCACCAG CATTGATGA ACTTTCAACA GAAGTTCAA TTTTAGAAAC AGGTATTAAA	2040
	GTAGTAGATT TACTAGCACC TTATATTAAA GGTGGTAAAA TCGGATTGTT CGGTGGTGCC	2100
35	GGTGTAGGTA AAACAGTATT AATCCAAGAA TTAATTAACA ACATCGCTCA AGAGCACGGT	2160
	GGTATTTCTG TATTCGCCCG TGTAGGTGAA CGTACTCGTG AAGGTAACGA TTTATACTTC	2220
	GAAATGAGTG AAGTGGTGT AATTAAGAAA ACAGCCATGG TATTCGGGCA AATGAATGAG	2280
40	CCACCTGGTG CACGTATGCG TGTTGCATTA TCTGGTTTAA CAATGGCTGA ATATTTCCGT	2340
	GACGAACAAG GTCAAGACGT ATTATTATTC ATCGATAACA TTTTCAGATT TACACAAGCT	2400
45	GGTCTGAGG TATCTGCATT ATTAGGTCGT ATGCCTTCTG CAGTAGGTTA CCAACCAACA	2460
	CTTGCTACTG AAATGGGACA ATTACAAGAA CGTATTACGT CTACAACAAA AGGATCAGTT	2520
	ACTTCTATTC AAGCGGTATT CGTACCTGCC GATGACTATA CTGACCCAGC GCCTGCGACA	2580
50	GCGTTTGCCC ATTTAGATGC AACTACAAAC TTAGAAGTA AATTAAGTGA AATGGGTATT	2640
	TATCCAGCCG TGGATCCATT AGCGTCTACA TCAAGAGCAT TGAACCATC AATTGTAGGT	2700

55

EP 0 786 519 A2

	CAAGATATCA TTGCTATCTT AGGTATGGAC GAATTATCTG ATGAAGATAA ACAAACAGTT	2820
	GAACGCGCAC GTAGAATTCA ATTCTTCTTA TCTCAAACT TCCACGTAGC GGAACAATTT	2880
5	ACTGGTCAAA AAGGTTCTTA TGTACCTGTT AAGACAACAG TTGCAAACCTT TAAAGATATC	2940
	TTAGATGGTA AATATGACCA TATTCCAGAA GATGCATTCC GTTTAGTTGG TAGCATGGAT	3000
	GATGTTATTG CAAAAGCTAA AGATATGGGT GTTGAAGTAT AACAATTAGG AGGAATGGAT	3060
10	AATGAATACA TTAAACCTAG ATATTGTCAC TCCTAATGGT TCTGTTTACA ATCGTGATAA	3120
	TGTTGAACTC GTTGTATGTC AAACAACAGC TGGTGAGATA GGTGTCATGA GTGGACATAT	3180
	TCCAACGTGA GCTGCTTTAA AAACAGGCTT TGTAAGAGTG AAATTTACG ATGGAACCTGA	3240
15	ATATATTGCT GTAAGCGATG GCTTTGTTGA AGTTAGAAAA GATAAAGTTT CAATCATTGT	3300
	TCAGACTGCA GAAACTGCAA GAGAAATTGA TGTTGAAAGA GCTAAATTAG CCAAAGCAAG	3360
20	AGCAGAGTCT CACTTGGAAA ATGATGACGA CAATACTGAT ATTCATAGAG CCGAAAGAGC	3420
	TTTAGAGAGA GCAAATAACC GTTTGCGTGT GGCTGAATTA AAATAGTAAA TAAAGGGTCG	3480
	AAGATGTGAT TTCATATCTT CGACCCTTTT TTGAATTATA TTGATTTAAA GATACAAAAC	3540
25	ATGAGAGGGG GGAAGGAATT GATAAAGAAC CATTAAAGAT TTATGATGTA GTGGTTCTTT	3600
	ATCATTAAAC ACAGCTAATG TGTATTTAAA AATAGGaayA CATgAGTAAA ACTCATGTAT	3660
	AAGAAATACT AATTTCTAAA GAAAAAGTAT TTCTTTIATGT TGGGGCCCCG TCAACTACTG	3720
30	CCAAATACAA CACTATAGAG TCTAGACATT GATTTATGTC CGACTCCCAA GAATAGTTTT	3780
	ACTTTTTTAC AATCACTAAT AGATTGCTAA AATCAAAATT TCCTTCACCA CTATCTACAG	3840
	TCGACATTTT ATTTTTTGAA ATTATCTACA TTTTTTCATA CCAAGATATT TTATAGTTAT	3900
35	GATATTTATG TAAAAAGAAT TATATAGTAA GTTAGCTTAA ACTTTACTAA AAACGGGTAT	3960
	TAAACTTTGT ATCATTATTT AAATTTTTCA TGTACAATGT AATACAGTAA TCTTATGAGG	4020
	TGATAAAATG GATTATATCG GACAATATGC AGTTATCCAT TTAGTGTTAC ATGTTGTATG	4080
40	TATTTGTATT GCCTATTGGG CTTTACAATC AATTAGATTA GATCAATTTT TAAAAAAGG	4140
	ATACGCCACT CAATTACAAG TGTGTATGAT ATTTGTTGCT ATTTTATTAG GCACTGCAGT	4200
45	AAGCAATTTT ATTGTAGATT TGTTACAATA CTCGACGCAG GTAAAATATT TAATAAAATA	4260
	AGTCTAACTC TATGATTTGT AATCAAACT AGATATAATT AAATAATGAC TTAAAAAAT	4320
	TTTAAAATAG GGAAATGTAA AGTAATAGGA GTTCTAAGTG GAGGATTTAC GATGGATAAA	4380
50	ATAGTAATCA AAGGTGAAA TAAATTAACG GGTGAAGTTA AAGTAGAAGG TGCTAAAAAT	4440
	GCAGTATTAC CAATATTGAC AGCATCTTTA TTAGCTTCTG ATAAACCGAG CAAATTAGTT	4500

55

	GACGTTACAT	ACAAAAAGGA	CGAAAATGCT	GTTGTCGTTG	ATGCAACAAA	GACTCTAAAT	4620
	GAAGAGGCAC	CATATGAATA	TGTTAGTAAA	ATGCGTGCAA	GTATTTTAGT	TATGGGmCCT	4680
5	CTTTTAGCAA	GACTAGGACA	TGCTATTGTT	GCATTGCCTG	GTGGTTGTGC	AATTGGAAGT	4740
	AGACCGATTG	AGCAACACAT	TAAAGGTTTT	GAAGCTTTAG	GCGCAGAAAT	TCATCTTGAA	4800
	AATGGTAATA	TTTATGCTAA	TGCTAAAGAT	GGATTAAAAG	GTACATCAAT	TCATTTAGAT	4860
10	TTTCCAAGTG	TAGGAGCAAC	ACAAAATATT	ATTATGGCAG	CATCATTAGC	TAAGGGTAAG	4920
	ACTTTAATTG	AAAATGCAGC	TAAAGAACCT	GAAATGTGCG	ATTTAGCAAA	CTACATTAAT	4980
15	GAAATGGGTG	GTAGAATTAC	TGGTGCTGGT	ACAGACACAA	TTACAATCAA	TGGTGTAGAA	5040
	TCATTACATG	GTGTAGAACA	TGCTATCATT	CCAGATAGAA	TTGAAGCAGG	CACATTACTA	5100
	ATCGCTGGTG	CTATAACGCG	TGGTGATATT	TTTGTACGTG	GTGCAATCAA	AGAACATATG	5160
20	GCGAGTTTAG	TCTATAAACT	AGAAGAAATG	GCGGTGAAT	TGGACTATCA	AGAAGATGGT	5220
	ATTCGTGTAC	GTGCTGAAGG	GGAATTACAA	CCTGTAGACA	TCAAACTCT	ACCACATCCT	5280
	GGATTCCCGA	CTGATATGCA	ATCACAAATG	ATGGCATTGT	TATTAACGGC	AAATGGTCAT	5340
25	AAAGTCGTAA	CCGAAACTGT	TTTTGAAAAC	CGTTTTATGC	ATGTTGCAGA	GTTCAAACGT	5400
	ATGAATGCTA	ATATCAATGT	AGAAGGTCGT	aGTGCTAAAC	TTGAAGGTAA	AAGTCAATTG	5460
	CAAGGTGCAC	AAGTTAAAGC	GACTGATTTA	AGaGCAGCAG	CCGCCTTAAT	TTTAGCTGGA	5520
30	TTAGTTGCTG	ATGGTAAnAC	AAGCGTACT	GAATTAACGC	ACCTAGATAG	AGGCTATGTT	5580
	GACTTACACG	GTAAATTGAA	GCAATTAGGT	GCAGACATTG	AACGTATTAA	CGATTAATTC	5640
	AGTAAATTAA	TATAATGGAG	GATTTCAACC	ATGGAAACAA	TTTTTGATTA	TAACCAAATT	5700
35	AAACAAATTA	TACCTCACAG	ACAGCCATTT	TTATTAATTG	ATAAAGTAGT	TGAATATGAA	5760
	GAAGGTCAAC	GTTGTGTGGC	TATTAAACAA	GTATCAGGAA	ACGAACCATT	CTTTCAAGGG	5820
40	CATTTTCCTG	AGTATGcGGT	AATGCCAGGC	GTATTAATTA	CTGAAGCGTT	ActCAAACAG	5880
	GTGCGGTAGC	TATTTTAAAT	AGTGAAGAAA	ATAAAGGTAA	AATCGCTTTA	TTTGCTGGTA	5940
	TTGATAAATG	TCGTTTTTAA	CGTCAAGTAG	TACCTGGTGA	TACTTTAACG	TTGGAAGTAG	6000
45	AAATCACTAA	AATTAAAGGA	CCAATAGGTA	AAGGTAATGC	TAAAGCTACT	GTCGATGGTC	6060
	AACTTGCTTG	TAGTTGTGAA	CTTACATTTG	CAATTCAAGA	TGTAAAATAA	AACAAAAAAA	6120
	ACATTCAAAG	ATTTAATGTG	TTGGCATAAT	CTTTGAATGT	TTTTTATTTT	ACTCTTCTAA	6180
50	TTTTTCATCC	TTTAACTTTG	GTTTAGACTG	CaTCATTGCA	TTAAATGATT	TTTTTAATTC	6240
	TTCACCAGAT	AATCCATCAT	CAATAAGTTG	GTTCTAATAA	ACTTTCAGCA	TACTGTTGGA	6300

55

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 481:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 481:

AGTTGCTACA CCAGACATGA TGGGTGAAGT TGGTAAATTA GGTCGTGTAT TAGGACCAAA	60
AGGTTTAAATG CCAAACCTA AAACTGGAAC TGTAACAATG GATGTTAAAA AAGCTGTTGA	120
AGAAATCAAA GCTGGTAAAG TAGAATATCG TGCTGAAAAA GCTGGTATCG TACATGCATC	180
AATTGGTAAA GTTTCATTTA CTGATGAACA ATTAATtGAA AACyTcaATA CyTTACAAGA	240
TGTATTAGCT AAAGCTAAAC CATCATCTGC TAAAGGTACA TACTTCAAAT CTGTTGCTGT	300
AACTACAACA ATGGGTCCTG GAGTTAAAAT TGATACTGCA AGTTTCAAAT AATAAATGAT	360
ATAACAATT ACAGGCTGAA AGAAATATCT TTCAGTCTGT AAAAATATAT TGACAATAAG	420
TAATTTCCAA GTTATATTAC TTATTGTGAT TATTTTACCT AAGACAGTAG GAGTTATTTA	480
TAACTTAAAA TTTATCCTGC CGAGGCTAAA ATTGACTTGA ACGTGATGAT CTATGATCTT	540
TCAAGCACTT TTTGCCGTGG GTAGAAAGTG CTTTTTTTAT TAATTTTAAA AAAAGCACCA	600
AAAATTTAAA TGGAGGTGTC TGAATGTCTG CTATCATTGA AGCTAAAAAA CAACTAGTTG	660
ATGAAATTGC TGAGGTACTA TCAAATTCAG TTCAACAGT AATCGTTGAC TACCGTGGAT	720
TAACAGTAGC TGAAGTTACT GACTTACGTT CACAATTACG TGAAGCTGGT GTTGAGTATA	780
AAGTATACAA AAACACTATG GTACGTCGTG CAGCTGAAAA AGCTGGTATC GAAGGCTTAG	840
ATGAATTCTT AACAGGTCCT ACTGCTATTG CAACTTCAAG TGAAGATGCT GTAGCTGCAG	900
CGAAAGTAAT TTCTGGATTT GCTAAAGATC ATGAAGCATT AGAAATTAAA TCAGGCGTTA	960
TGGAAGGCAA TGTTATTACA GCAGAAGAAG TTAAACTGT TGGTTCATTA CCTTCACACG	1020
ATGGTCTTGT ATCTATGCTT TTATCAGTAT TACAAGCTCC TGTACGCAAC TTCGCTTATG	1080
CGGTTAAAGC TATTGGAGAA CAAAAGAAG AAAACGCTGA ATAATTTTTA GCGTAAAAAA	1140
ATTAAAAATA ATGGAGGAAT TATAAATGG CTAATCATGA ACAAATCATT GAAGCGATTA	1200
AAGAAATGTC AGTATTAGAA TTAAACGACT TAGTAAAGC AATTGAAGAA GAATTTGGTG	1260
TAcTGcAGCT GCTCCAGTAG CAGTAGCAGG TGCAGCTGGT GGCGCTGACG CTGCAGCAGA	1320
AAAAACTGAA TTTGACGTTG AGTTAACTTC AGCTGGTTCA TCTAAATCA AAGTTGTAA	1380



	TCCTAAAGTA ATCAAAGAAG CTTTACCTAA AGAAGAAGCT GAAAAACTTA AAGAACAATT	1500
	AGAAGAAGTT GGAGCTACTG TAGAATTAAA ATAATTCAAG TATCTTAAAC TTAATAATCA	1560
5	AAGTTTTATA GCAAGTATTG CTATAATATA ATGATTCTTT GAGAAGTTAA AACCCCGTTA	1620
	TTTGTATAAC GGGgTtTTAT TCaTTTAAAG ACTGAGTGAA ATGTTATAAT TATAATGACG	1680
	AGTTACAAAG TGAAGATGAG GTGGGAATAA TGAGTCA	1717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 482:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1279 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 482:

	GTAAATCTGT TACTCGAAAT GTAACGATTA AAGAAAAGGG CTCATCTCAA ACATATATTT	60
	TGTTAGGCTA TCCAACAAAA GCACAGAAGA ATAGTCATAG CAAATATAGT GGAGTCTTTA	120
25	TATATAAAGA CTTGAAATCA ATCGAAGATA CAAATAATGC TATTACGATT ATCACCATAA	180
	TTACGGCTGT TATTTTCTTA ACAATTACAA CAGTCTTTGC GTTTTCTTA TCGTCAAGAA	240
	TTACAAAACC TTTAAGACGT TTAAGAGACC AAGCTACACG TGTATCTGAA GGGGATTACT	300
30	CTTATAAACC TTCTGTCACA ACGAAAGATG AAATTGGTCA ATTATCGCAG GCATTTAATC	360
	AGATGAGTAC AGAAATCGAA GAGCATGTCG ACGCATTATC CACATCTAAA AATATTAGAG	420
	ACAGCTTAAT TAAGTCTATG GTAGAAGGTG TCCTAGGTAT TAATGAGAGT CGACaAATTA	480
35	TCTTATCTAA TAAGATGGCG AATGATATTA TGGACAATAT TGATGAAGAT GCTAAAGCTT	540
	TCTTATTAAG ACAAATAGAA GATACTTTTA AATCAAAACA AACTGAAATG CGCGATTTAG	600
40	AAaTGAATGC ACGATTCTTT GTTGTGACCA CAAGCTATAT CGACAAGATT GAACAGGGAG	660
	GTAAaAGTGG TGTTGTTGTG ACAGTTCGTG ATATGACTAA TGAGCACAAT CTAGATCAAA	720
	TGAAGAAAGA TTTcATTGCT AATGTATCAC ATGAATTACG TACACCGATA TCATTACTTC	780
45	AAGGTTATAC TGAATCAATT GTAGATGGTA TTGTTACAGA ACCGGATGAA ATAAAAGAAT	840
	CGCTTGCCAT TGTCCTTGAT GAATCGAAAC GTTTAAATCG TTTAGTTAAT GAATTGTTAA	900
	AIGTCGCACG CATGGATGCT GAAGGGTTAT CCGTAAATAA AGAAGTTCAG CCTATTGCAG	960
50	CGTTACTAGA TAAGATGAAA ATTAAGTATC GCCAACAAGC TGATGATTTA GGTCTAAATA	1020
	TGACTTTTAA TTAYTGTAAG AAGCGTGTtT GGAGTTATGA TAwGGATCGC ATGGACCAAG	1080

TTACTTGTGA TGAAAATGAA AGCGAAGATA TTTTATACAT TAAAGATACA GGTACAGGCA 1200  
 TTGCACCAGA ACATTTACma CAAGTATTTg ATCGTTTTTA TAAAGTTGAT GCAGCGnAna 1260  
 5 ACCCCGnGGT AACCAngTA 1279

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 483:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1144 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 483:

GAGCTGTTGT TACTTTGATG CCTGCAGCTT TATTACGGCT GACTTGGTAA TGATAAGTTT 60  
 20 CAGCATATTG CTCAATATAT GCTATATCAT ATTGAATGGT ACGAGGTGAT ACACCAAGTT 120  
 GATTAGCAAT GGTATTGATT GGAATAAACG TTGCTCATG AATTAAAAGA TACAAAATTT 180  
 CGATTTGTCT ATAACCTAAC AACGTAATAT CCTCCTATTT GTAATTGTAA GCGATTTCCT 240  
 25 AAAAAACGTAG ATATGCAATC TCTTTCATAT TTTAATCCGA AAAATTGCAT ATCAAAATGT 300  
 TTATGGCGCA AGATTTTATA GGAACCTTTTA AAATAAATTA rATATTCATG TTGACAATTT 360  
 AAAAAATGTCG CAGTATATTT AGTTAGACAT CTAACGAAAT GGTGGTGCAA TAAATGGAAT 420  
 30 TCACTTATTC GTATTTATTT AGAATGATTA GTCATGAGAT GAAACAAAAG GCTGATCAAA 480  
 AGTTAGAGCA ATTTGATATT ACAAATGAGC AAGGTCATAC GTTAGGTTAT CTTTATGCAC 540  
 ATCAACAAGA TGGACTGACA CAAAATGATa TTGcTAAAGC ATTACAACGA ACAGGTCCAA 600  
 35 CTGTCAGTAA TTTATTAAGG AACCTTGAAC GTAAAAAGCT GATCTATCGC TATGTCGATG 660  
 CACAAGATAC GAGAAGAAAG AATATAGGGC TGACTACCTC TGGGATTAAA CTCGTAGAAG 720  
 CATTCACTTC GATATTTGAT GAAATGGAAC AAACACTCGT ATCGCAGTTA TCTGAAGAAG 780  
 40 AAAATGAACA AATGAAAGCA AACTTAACTA AAATGTTATC TAGTTTACAA TAAATGATAA 840  
 GTGTGACTGG TAGAAATCAG TCACTTTGTC TTTAATATTA TAGTTAGATA TCTAATTGTT 900  
 45 AGTAAGCTAA TTATTGGAAG AGACAAGGAG TATTGAACAA TGAAAGACGA ACAATTATAT 960  
 TATTTTGAGA AATCGCCAGT ATTAAAGCG ATGATGCATT TCTCATTGCC AATGATGATA 1020  
 GGGACTTTAT TAAGCGTTAT TTATGGCATA TTAAATATTT ACTTTATAGG ATTtTyAGAm 1080  
 50 GAYAGCCACA TGATTTCTGC tAatCTCTCT AACACTGCCA GTATTTGCTA TCTTAATGGG 1140  
 GTTA 1144

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 484:

10 ACAACCAATT TTACTAAACA TGGTrTTCAT gCATTITCAA TATTTAGATG TCGACCGCAT 60  
 AATCGAAGAA TCGCCGACAA TAGTACTTAT CGATGAGTTA GCACATACGA ATATTTCTAG 120  
 15 AGATCGTCAT GAGAAACGAT ATATGGATAT TGAAGAAATT TTAAATCATG GTATCGATGT 180  
 TCATACCACT TTGaACATTc aacATATTGA AAGTTTAAAGT AGTCAAATTG AACTGATGAC 240  
 CGGTGTACAT GTTAAAGAAC GTGTACCCGA CTATTTTATA ATGAGCGCCG ATGTATTAGA 300  
 20 AGTCGTAGAT ATCTCACCTG AACAAATTAAT TAAACGCTTA AAAGCTGGCA AGGTATATaA 360  
 AAAGGATAGG CTAGATGTAG CATTTAGTAA TTTCTTTACG TATGCCACC TAAGCGAatG 420  
 CGTACATTGA CGTTAAGAAC AGTTGCCGAC TTGATGAGTG ATAAAGAAAA AGTCCGACAC 480  
 25 AACCATAAAA CGTCACTCAA ACCTCATATT GCTGTGGCAA TTAGTGGGAG CATTTATAAT 540  
 GAAGCAGTAA TTAAAGAGGC ATTCCATATT GCTCAAAAAG AACATGCGAa GTTCACTGCT 600  
 ATTTATATAG ATGTATTGCA AAAAAACAGG CAATATAAAG ATAGTCAAAA GCAAGTGCAT 660  
 30 CAACATCTCA TGCTTGCAAA ATCATTAGGA GCAAAAGTAA AAGTAGTTTA TAGCCAAACC 720  
 GTTGCATTAG GATTAGACGA ATGGTGTAAG AATCAAGATG TAACCAAATT AATTATCGGA 780  
 CAACATATTA GAAATAAGTG GCGAGACTTT TTCAATACAC CTTTAATTGA CCATTTAATG 840  
 35 TCCTTTGAAC ATAGCTATAA AATCGAAATC GTTCCAATCA AACAAATACC TGTTGAATTG 900  
 AAAATGAACA AATCACCTTA TCGTCCTAAA GGCAAACGTT TCGCCATAGA TATGTTAAAA 960  
 40 ATGATTTTGA TTCAAATAAT TTGTGTAATG ATGGGACTGT GGATTTATCA ACTTGATAAG 1020  
 CATGAGTCTA GTACGATTAT TTTAATGATT TTTCTCATCG GCATCATTTT ATTATCCATT 1080  
 TGGACGCGGT CCTTCATCAT TGGCTTTTAg CAGCAATTAt TAACGTATTT GTgTkTAATT 1140  
 45 ATkTTTTtAC GGAACCTA 1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 485:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2224 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 485:

	ATCATATGGT CGATTTAACA GATCCAACGT ACTGCTAAAT AATTACATGA CGTTTAAACA	60
5	TAGCATTGAT TATAACTATT TCTAAGTCTT CGCATTATTT GCGATGATGT GGAATAGTT	120
	ATTTTATTT AAAAATATAA AAAAATAGAT GCAGCAAAT TTTAAAGCAT TTTATTTTGA	180
	ACATATTAAA AGGGAGCGTA TCATAATGGA ATGTAATGTT TATATCGTAT GCATTACGGA	240
10	TAAATAATAT ATAAATCATT CTTGAGGAGT GAAAGAATAA TGAGAGACTA CACAAAGCAA	300
	TACATTAATG GCGAATGGGT AGAAAGTAAT AGTAATGAAA CGATAGAAGT TATAAATCCA	360
	GCAACCGAAG AAGTAATCGG GAAAGTTGCT AAAGGTAATA AAGCTGATGT TGATAAAGCC	420
15	GTCGAGGCGG CAGACGATGT TTATTTAGAG TTCCGTCATA CATCTGTGAA AGAAAGACAA	480
	GCGTTATTAG ATAAATTGT AAAAGAmTAT GAAAACAGAA AAGACGATAT TGTACAAGCT	540
20	ATTACGGATG AATTAGGTGC TCCTTTATCA TTATCTGAGC GTGTCCATTA TCAAATGGGA	600
	CTAAACCATT TTGTTGCAGC GAGAGACGCA TTAGATAACT ACGAATTTGA AGAACGCCGC	660
	GGAGATGATT TAGTTGTTAA AGAAGCAATC GGTGTATCTG GATTAATTAC ACCGTGGAAC	720
25	TTCCCTACAA ACCAAACATC ATTAAAATTA GCAGCAGCAT TTGCGGCTGG TAGTCCAGTT	780
	GTACTTAAAC CATCTGAAGA AACACCATTT GCAGCTGTTA TTTTAGCTGA GATTTTTGAT	840
	AAAGTCGGTG TTCCTAAAGG TGTATTTAAC CTTGTTAATG GTGATGGTGC TGGTGTGGG	900
30	AATCCTTTAT CTGAACATCC TAAAGTACGC ATGATGTCAT TTACAGGATC AGGCCCTACT	960
	GGTTCTAAAA TTATGGAAAA AGCCGCTAAA GATTTTAAAA AGGTATCATT AGAGCTTGGT	1020
	GGCAAATCAC CATATATCGT CCTAGATGAC GTAGATATTA AAGAAGCGGc TAAAGCAACa	1080
35	aCAGGCAAAG TTGTTAATAA TACTGGTCAA GTATGTACAG CTGGTACAG TGTTTTAGTG	1140
	CCTAACAAAA TTAAAGATGC ATTCTTAGCT GAATTAAAAG AACAAATTTAG CCAAGTGCCT	1200
	GTCGGTAATC CAAGAGAAGA TGGTACACAA GTAGGCCCTA TCATTAGTAA AAAACAATTT	1260
40	GATCAAGTAC AAAATTATAT TAATAAAGGT ATTGAAGAAG GTGCTGAATT ATTTTATGGT	1320
	GGTCCTGGTA AACCAGAAGG ACTTGAAAAA GGATACTTTG CACGTCCGAC AATTTTTATT	1380
45	AATGTAGATA ATCAAATGAC GATAGCACAA GAwGAAATTT TTGGGCCAGT AATGTCAGTT	1440
	ATCACTTATA ACGATTTAGA TGAAGCGATT CAAATTGCAA ATGATACAAA ATATGGTTTG	1500
	GCAGGATATG TTATTGGTAA GGACAAAGAA ACATTGCATA AAGTAGCTCG TTCTATTGAA	1560
50	GCAGGTACAG TAGAAATAAA CGAAGCAGGT AGAAAGCCAG ATTTACCATT TGGTGGCTAT	1620
	AAACAATCTG GTTTAGGTCG TGAATGGGGC GATTATGGTA TTGAAGAGTT CTTAGAAGTG	1680

55

	AGTGCACATG ACTAATTAAG TTTTGTGTAC TGTTTTAATT TTGCAATTTT TATAAATAGA	1800
	TTTTGTAATT AAAATAAAAA TTTGCTATAG TTATTCATGT ATTTAAAAGG TTGGGGATTA	1860
5	GCATAATGGG ATTGTGCTAG CACAGTTATT TATGCATTGT CATGCCTATC TATTACTTAC	1920
	TAACTAAAAA ATAATGAAAT GGGTGTAAC TATATGCCTG AAAGAGAAGC TACATCTCCT	1980
	CAGTATGAAT CATTCCACGA ATTGTACAAG AACTATACTA CCAAGGAACT CACTCAAAAA	2040
10	GCTAAAACCTC TTAAGTTGAC GAACTATAGT AAATTAAATn AAAAAGAACT TGTTCTAGCT	2100
	ATTATGGAAG CACAAATGGA nAAAGATGGT AACTATTATA TGAAGGTAT CTTAGATGAT	2160
	ATACAACCAG ATGGTTATGG TTTTnTAAGA ACAGTGAAGT ATTCTAAAGG GGAAAAAGAT	2220
15	ATTT	2224

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 486:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1690 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 486:

	ACATTACnTT GAATCGAAAG TTTCATAAAC GACTTGAATG CCAGTTTCTT TTTCAAATTT	60
30	CTTAATTAAC TCTGGATCAA TATATTCGCC CCAATTGTAT ACGTAAATTT TTTGATTGT	120
	ATGCACTTGT TCTTTAGATT TAAACCAATG ACTTAAAGTA AGACAAAGCA TACCCACAAC	180
	TAATGCACCT ATAATGAGTT GTAAAAATCG TTTCATTATT TTACACCTCG CTTGATTAGT	240
35	TTTTTCTTAT TTATCACGTA TTGAATCAAA TAATATCCTA GTATTCCTAA TACAATAACA	300
	GCAAACAATA ATGTTGAAAT CGCATTAAAT TCCATACTAA TTCCTTTTCT CGCCATAGCA	360
	TAAACTTCAA CTGATAACAC ACTAAAGCCA TTACCAGTAA CGAAGAACT TACTGTGAAA	420
40	TCGTCTAGTG AATAAGTTAA AGCCATAAAG AATCCTCCTA TAATAGAAGG TAAATATTA	480
	GGAATAATAA TGTGCTTAA TAATTGTGGT TCAGTCGCTC CTAAATCTCT TGCAGCATTT	540
	AACATATTAT TATTCATyTC ATACAGTTGT GGTAAGACGA TAATCACAAC TATAGGTATG	600
45	CAAAATGCAA TATGAGATAT TAGAACTGTC CaAAAKCCTA AACCAAGACC AGTAAATGG	660
	CCAATCGTTG TAAACATAAT TAAGAATGAT GCACCTATGA CAACGTCGGA TGATACCATC	720
50	AAGACATTAT TCAATGTTAG TAAAGTTACT TTAAACTTTT TATTTCTTAA ATAATAAATA	780
	GCAATGGCAC CAAATGTACC AATAACTGTA GAAATTGAGG CTGCTAAAAG TGCTACAGCT	840

55

AATGTAAAAT GTTCAAAGTG AATCATATTA CCAGCCGAAT TGAATGAATA GAACATTAAA 960  
 AAGAATATTG GGATGTATAA AATCGCTAAA AGTATCCCGA TATACAGCTT TCCATACCAT 1020  
 5 TTCATATGAT TCACCCTCTC CCATTAGATG ATTTTGTAAT GATTAAAATG AATGCCATAA 1080  
 ATACAATTAA GAATATAGCT ATAGTTGATC CCATACCATA ATTTTGAATT GTTAAAAATT 1140  
 GTTCCTCTAT TGCCGTACCT ATATTTATGA CTTTATTACC TGCAATTAAT CTTGTAATCA 1200  
 10 TAAATAATGA AAGTGATGGA ATAAAGGTTA CTTGAATCCC AGTCATAACA CCTTCTTTTG 1260  
 TTAACGGCAT GATTACTTTT CTAAAAGTAT AGAAAGGACT GGCACCTAAA TCACCTGAGG 1320  
 CCTGCAATAA ATTATTAGGA ATTGCTTTCA TGCTATTAAA TATAGGTAAA ATCATAAATG 1380  
 15 GTATATAAAT GTAACCTGCC ACTACTAAAA ACGCACCAGT TGTAAATAAC AAATTGAATG 1440  
 ATGGTAAATT AAATAAGTGG AAAATTGATT AATCAGCCCA TCATGACTTA ATAAACCTAT 1500  
 AAAAGCATAT GTCTTTAACA ATAAATTTAT CCATGTTGGA ATAATCATT TCAATTAATA 1560  
 20 GATATTTTGA AATTTGCAAC GAGTAATATA ATAGGCAGnT GGATAACTGA TAGTCAAGGT 1620  
 AATAATTGTT ATTGAAGCGG CATATAAAAT TGAATATGCA AACATTTTCA AATATTTTGT 1680  
 25 AGTAAAAATT 1690

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 487:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2112 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 487:

ACGAAAAGAA ATATTATGAT GAACAAAAAG AAAGAATAAC GATTTATATG AAGTACAATG 60  
 TGAAAGGTTA TAAAAATATA AGCTTCGCTA ATTTTAAAGA AAACCCAATG GATGGTTATT 120  
 40 CTATTAGTGG TTATATAAAT AAtGaTAAAA AGTTATCATT TACAGCTGGT ATAAGATCTG 180  
 TTGATGATTT TCAATTTGAT ACCGATATTT CTTATACAGA TGAATTGGGT AGAAAATTTA 240  
 45 ATAAAAATCC TAAGTCAGTT TCTGAAATAA AAAAAGAGCA AAATACGTCC AATAAATAAT 300  
 TGTTTCATATT GTGATGAAAC AAAAATATAA GTCATTAGAT GAGTTTAACT ATGTTATAAA 360  
 TATTTGTAGT ATCTATAAAA ATCTCGACAC TATTAAAATG ATAAAGTGCC GAGGTTTTCT 420  
 50 TACTTATTTA GTTAATTCAA AGTTTATGCC AGATTCATAA GAATTTGTGA CACTTTTAAT 480  
 AGTGTAaCAT TGATTATTAC AATTTATCAA ATGGTCCTTT AGAAGGTATA AATAACAAAA 540

	TATTATTATG TTCAAAACTT TACGCTCCAA AAAGTAAAAA GGAAGTTAAG CAATGTTTAG	660
	TTGCTTAACT TCGGaTATTG AACGCATCAG TCCAATTTGA CATAGAGCCT TTTTITAGTTC	720
5	TTGATGTTTC TCTTTAAAC CTTGCATATT TTACAAAAAG AAAAATTAGC AGTATAATTA	780
	AGACAACGAA AATAAGTATT TACTTATACA CCAATCCCCT CACTATTTGC GGTAGTGAGG	840
	GGATTTTTAT TGGTGCGGCT ATATGTCACC TATTTTGTAT TGGCTCTACT TAGCCAATAA	900
10	GAAAAAACG CAATGGCACA GCCACTGATG ACTGGTGCTA TGATGTGAAC GaAAATAAGC	960
	ATCACCTTAT ACACCTCCTC TCTGCGTCTA AATTGACGSc TGAGaGrTAG GcGACTCTAC	1020
	TATTATATCA TCGGCAAATA TACAAGCACA GTCACCTTGCT TCTGATAAGT TATATGATTC	1080
15	TAGCTGATAG ATTGAATCGT CTACACTTAA TTGGACAAAT TCTATGAGAA TAGATATTGT	1140
	TAATTTAAGA AAGTAGGCGA TTTTATTATG ACAAGAGAAA GAAGATCATT TAGTTCAGAG	1200
20	TTTAAGTTAC AAATGGTTAG ATTATATAAA AATGGTAAGC CTAGGAATGA AATTATACGC	1260
	GAGTATGATT TCACACCTTC GACGTTTGTA AATGGCGGTT ATAAAATGTA GGAAAATGGA	1320
	TAAAGCAACA TCAAAACACG GGTACATTCA ATCACCAAGA TAACTTATCG GATGAAGAAA	1380
25	AAGAGCTGAT TAAATTACGC AAAGAAGTTC AACATTTAAA AATGGAGAAC GATATTTTAA	1440
	AGCAAGTAGC GCTGATTATG GGGCAAAAAT AGAAGTCATT CAAAAGAATG CACATCAATA	1500
	TTCAATGATCA GCAATGTGTA AAGTCCTGAT AATACTAAGA AGTACCTATT ATGATTCTAT	1560
30	AAAAAGAAAA GATAATAAAA TCACTAAAGA TGATTCAAAC ATAGAACATG CCGTCATAAA	1620
	TATTTTAAAT TCTAATAGAA AAGTCTTTGG TACAAGACGA ATTA AAAATC ATTTAAATGA	1680
	CAAGGGTCTC ACTGTATCTG GACAAAAGAT AGGTCGATCA TGAAAAAATC TAGTTTCTGT	1740
35	TTATACGAAA TCTAAATACA AAAATCATCT AAAAGAACT AATGAAAAAC GAATTA AAAA	1800
	TCTTTATTAT TAGCTGCTGG TGTATTATTT GTTAGTCCAA TTTCATTATC TTATAATTCA	1860
	GATGTAGCTC ATGCTGAAGA TAAGTTAGAC CATTCTCAAG CAAAGGTAAT ATATTTGAGT	1920
40	AACCAAAATT TATTTGATGA ACTTGAGAAA AAAGGTTATA AACTGGAAGA TATATTTACA	1980
	AAAGAAGAAA TAAAAAATA TAAAGCTGAA GACCAATTGA GAGCGGGTAA AACTCAATAT	2040
45	GTAGAAACAG GTAAAGATAC TGCAACATTA TATCTTCTT CTGCATATAC AAAACAATA	2100
	GCTGCTTTAG GT	2112

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 488:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 454 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 488:

5 GTAGGCACAC ATCTGCCATA TAAACATTCT TTTATACTAG TGTTCCTATA TAGTGTAGAG 60  
 TTATAGTCTC CTTCTTGAAT CTCGAATAAT TCAATCAACC TATCAACCTT AGTCTCTTCC 120  
 GTTACTTCTT TTTCAATATC AACTATGAAG GGGATATCAA TTGGAATAAA ACTTGACGTC 180  
 10 GAACACTTAT TTGTATTTGG ATGAAAACGA ACGAATCCAT CACTAAATCC TGTGAAAAA 240  
 AATATTTTTC CTTGTGATAG ATCCGGATTT TCTCGCGCCC ATTTAATTAA TTCATCTAAT 300  
 CTCATTTCTT TTTTAACTTT GATTTTCATT GTTATATCTC CTCTGAACA GTAAATTTAT 360  
 15 CGTTAAATGA TACGTATCCA GTCACATTAC ATAAGATGCT ATCAACATCA AAAGTCACAC 420  
 AACAGTTGCG TTCAACATCA TTTGAATAGA ATCT 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 489:

20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1372 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 489:

TTGTCAGAAT TAGAATGCTT TTGAGTTACT TCATAATACT CATCAGTTTT TTGTGTATCC 60  
 30 TTTTGACTTT TATTIATTTT TTTCCACTTA CCAGTATGAC TTTCTTTTTT TACAGTTATT 120  
 TTCGGTTTGT TTAATAAATG ATAACCGATG TTCTTTTTTG TATCTGTGGA CTCTAAAAAG 180  
 ACTGAATTGT TTTCTGATT ATCAGAATTG GTTGTGTGTT TATCGTCTGT ATATAACGTA 240  
 35 TACCCATTCT CTTTGCATT TTCAATCGTT GTAACGGAT TCTTTGATGA ATCAGTACTT 300  
 TTAATGCCAG TTCCTAAGAA GACAATTTTA TCGTTTAATA TGAAATATGA TTTTTTGGCA 360  
 GTTAAAGTTT TGTCTGATT TTCAAAATCC ATTCCGATAC TAGCATGTTG GTCATCAACT 420  
 40 TTTGTTCCGC CAACAAAAGT TTTACTCGAC TTTTATCAT CCGTATCTTT TAATATTTCA 480  
 TTGTCTAAAG TTGTTGTACC TGATAAACGT TTCATATCGG CTGTCACCCA GAAGTTATCA 540  
 45 TGATAGTGTG TGACATCGCT GTTATATAAA TAAGACATTC CAGCACCAGT GTGCCAACCT 600  
 TTTAAATTCT CTCCGTTGAT ACTTTCATAG CGTGCTACGT TTTTCGACGT CATACTTAAA 660  
 CCAAATGCAA AGTCTAAGTC TTTGTTATGA TAGGTGACAC GATCCATGTC ATTATATATT 720  
 50 TTAAGTTGTT GTGTTAATCC GTTTTTAGAA ATACTGTTAT CTGTCATTAA AGACTTCATT 780

55



ACTGAAGATT TGACAATCTT TTTATACTTA GCTTTTGTG AATCATCCAT GGCATCACTT 900  
 AATCTCAACA ATGATTTTCAT TACTGTTGCA GATGCTGAGT GACTGGTTTC ATTTTTCACGA 960  
 5 CTGATAGCTC TACCTCGTGA TAAATCCATC ATTTACCTT TATAAATGAG TGGCATAAAT 1020  
 CCGTCGTCAA TCCATGACTT TAAGGTTGTA TCATTTTGGG TTTTATCATT AAAAGGTGTT 1080  
 TCTTTTATCA TCGGCATCAT TTGAGAAATC CCCTCTAAGA GTACAACGCC ATAAGCACCA 1140  
 10 GTGTATGGAA CGTCTTGATG ATCAATGTAA GAGCCATCTT TATAAATCC ATTACGTTCT 1200  
 TTACCACTGG CAGAATCTTG AACGTAAGTG AAGACTTTAT TAAATGAATC TATAGACTTT 1260  
 TTCATCATAT CTTTATCTTC TTCGATAATA CATTCTAAAA GTTTCACCTT AGAAATGTCT 1320  
 15 ACTAaATTTC CGCCTTTAGC AAGTTCAGnT TTTCTACAC AAGATAATAT TT 1372

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 490:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 564 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 490:

ACAACAATAT AGTAAAGCGT CGTTAATTAA ACAATGGGAC CAATTTGTTT GTCTTATATA 60  
 30 AATGTACTTT aCCTTTATTT TTACAAAAAT AGCATTITTC TATGTCATTT AACTAAACAT 120  
 GTAAGTTCGT ATGAACGAGG TTTGTTAAAT AGATGATTCT AGGAAAATGC TTTTTTCTTT 180  
 TGACTTAGTT TAAAATATTT TGCCACTTTG TACTGATAGT AGTTGCATTG TACTGTTGTG 240  
 35 CAGATTCTAT GCTATTAATT GAAAACGTGT GCAATTTTTG AGTATTATTT AGTAATTGGT 300  
 CGACCTTTTC AACCATTGTA TTGATGTCAC CTTGAGGTAC TAAATAGCCA TTAAATCCAT 360  
 CTTGaATCAG TTCTGaTGA CCATAATCTA CATCATAACT GATCACTGGT GTACCTACTG 420  
 40 AAAGCGACTC TAAAATTGCT AAGCCAAAAC CTTCCATTTT ACTTGTCGAT AACATCAGTT 480  
 CTGCTTTAGC AATCTCTTCA TTAATATGCG TCTTAAAACC ATGAAATTTA ACATGTTCCA 540  
 GATAThATGA TAATCTTCTA CAAG 564

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 491:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1277 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 491:

	TATCCACCCC	ACGAnAGCCC	CGGAAACTTA	TTGTGTTACA	AGATATATAA	GCAGAAACGA	60
5	ACAACAGTTA	ACAAAATAAA	TGAAATTAAA	CGTTTTAAAA	ATGAAACAAA	TGAAATCATC	120
	TATTAGGTTA	TGAAACTGTT	TATAGCTTGA	ATAGAAGCAT	TTATTTTTTA	GGAGGACAAT	180
	TATTATGCGT	CAAACATTTA	TGGCAAATGA	ATCAAACATT	GAGCGCAAAT	GGTATGTTAT	240
10	CGATGCTGAA	GGCCAAACAT	TAGGTCGTTT	ATCATCAGAA	GTAGCATCTA	TCTTACGCGG	300
	TAAAAATAAA	GTAAC TTACA	CACCACACGT	TGATACTGGT	GATTATGTAA	TCGTTATTAA	360
	TGCATCAAAA	ATCGAATTTA	CTGGTAACAA	AGAAACTGAC	AAAGTTTACT	ACCGTCACTC	420
15	AAATCACCCA	GGTGGTATCA	AATCAATCAC	TGCTGGTGAA	TTAAGAAGAA	CTAACCCAGA	480
	ACGTTTAATT	GAAAACTCAA	TTAAAGGTAT	GTTACCAAGC	ACTCGTTTAG	GCGAAAAACA	540
	AGGTAAAAAA	TTATTTGTAT	ATGGTGGCGC	TGAACATCCA	CACGCTGCAC	AACAACCAGA	600
20	AAACTACGAA	TTACGTGGTT	AATTAGAAGG	AGGAAATGAC	TTTGGCACAA	GTTGAATATA	660
	GAGGCACAGG	CCGTCGTAAA	AACTCwGTAG	CACGTGTACG	TTTaGTACCa	GGTGAAGGTA	720
25	ACATCACAGT	TAATAACCGT	GACGTACGCG	AATACTTACC	ATTCGAATCA	TTAATTTTAG	780
	ACTTAAACCA	ACCATTGAT	GTAAC TGAAa	CTAAAGGTaa	CTATGATGTT	TTAGTTAACG	840
	TTCATGGTGG	TGnTTCACTG	GACAAGCTCA	AGCTATCCGT	CACGGAATCG	CTCGTGCATT	900
30	ATTAGAAGCA	GATCCTGAAT	ACAGAGGTTT	TTTAAACGC	GCTGGATTAC	TTACTCGTGA	960
	CCCACGTATG	AAAGAACATA	AAAAACCAGG	TCTTAAAGCA	GCTCGTCGTT	CACCTCAATT	1020
	CTCAAAACGT	TAATTGTCGG	ACGATATATA	CAAAACACCT	CGATATTATG	TCGAGGTGTT	1080
35	TTTTTGGCGT	TTTTGCGGCG	AATATGGAAT	GTGTAGAATA	TAAATGAATT	TTTACCTTCC	1140
	CACCATAAAA	GATGAAGAAC	CATGAATGTG	GAGAACAATA	AATAGTTGGA	TATTCTGTTA	1200
	TTTTTTTGGGA	AGTGGAAGTG	GATTTGGAAT	ACTTTACTCh	AAACGATTAA	AAGGTTTAAA	1260
40	AAAACAACAA	AnAGAAA					1277

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 492:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 673 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 492:

	TTATTGACAT TGT TTTTATC CAAAATTCAT TGTTAAGACA TTTTCTTTAT GAAATAATAA	120
	TtATATTGAA GTATATTTTT ATTATTATTA AAAATAAATA AGGGGATACT TATGAGCACA	180
5	AATCAAACAT TTtTAATATT TGTTATAGCA ATTATTCTAC TTACATCTGT AATAGGAATT	240
	GTTGGACGAT ACATGAGTCG TCAACGTCTA TTAaATCTA TGGAAACATT ATGGCAAACG	300
	ATTTCTCCAT TAGAAGCTTT TATCAGACCG AACTCACATT TCGACTATGA GTATAAGCTC	360
10	TACAAGGAAA AATTTGAATC ACATTCATTA GTTGATGATA AAaCTTGTC CGACTTAAAT	420
	ATGAATGCAA TCTTTcATAA GATGAATTAT AATTTAACAG CTATTGGTGA AATGAAGCTA	480
	TATGCCTGTT TACGTGGAAT GCTTTCAATT ACGAACAAAT CATTACTTAG TTTATTTAAT	540
15	GATAATGCTG AATTTAGAAA AAACGTAACA TATCATTTAG CTTTGATTGG tAAAaCTGTT	600
	aTCCAACATT TCCAGACCAA ATCACACCGG KAAACGTCCA AATATATTGh TCTATGCCCG	660
20	GTTTACCAGT ATC	673

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 493:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1240 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 493:

	AAAAAAAGTT AATGCTGACG GTGTATTAAC TTTTGATATT CTAGAAAATA AATATACTTA	60
	TGAAGTTATT AACGCTATAG GGAAAAGATG GATTGTAGT CATGTCGAAG GTGAAAACGA	120
35	CAAGAAAGAA TATGTAATAA CTGTCATTGA TAGGAAATCA GAAGGCGACA GACAACTGGT	180
	TGAATGTACT GCTAGAGAGA TTCCCATAGA CAAGTTAATG ATTGATAGAA TTTATGTAA	240
	TGTAACAGGA TCTTTTACAG TAGAAAGATA TTTAACATT GTGTTTCAAG GTACTGGAAT	300
40	GCTTTTTGAA GTCGAGGGCA AAGTTAAATC TTCAAAGTTT GAAATGGTG GTGAAGGCGA	360
	TACAAGGTTA GAAATGTTA AAAAGGGATT AGAACATTTC GGTTTAGAAT ATAAAATAAC	420
	GTATGACAAA AAGAAAGACA GATATAAGTT TGTATTGACG CCTTTTGCAA ATCAAAAAGC	480
45	GTCTTATTTT ATTTCTGACG AAtCAACGCC AACGCTATAA AACTCGAGGA AGATGCAAGT	540
	GATTTGCGCA CCTTCATTAG AGGATATGGT AATTATTCAG GAGAAaGAAAC ATTCGAACAC	600
50	GCTGGGCTCG TAATGGAAGC TAGAAGTGCA TTAGCTGAAA TATACGGCGA CATCCACGCA	660
	GAACCATTTA AAGATGGTAA AGTGACTGAC CAAGAACTA TGGATAAAGA ATTACAATCG	720

TATCCAGAAG CAGACCCACA ACCCGGAGAC ATAGTACAAA TAAATCTAC CAAACTAGGT 840  
 TTGAATGATT TAGTCCGTAT AGTACAAGTT AAAACGATTA GGGGTATAAA CAATGTAATT 900  
 5 GTTAAGCAAG ATGTAACGCT TGGTGAGTTT AATCGAGAAC AACGATATAT GAAAAAAGTT 960  
 AATACTGCAG CTAATATGT TTCTGGATTA AATGATGTTA ACCTTTCTAA TCCTAGTAAA 1020  
 GCGGCAGAAA ACTTGAAGTC TAAAGTAGCG TCAATAGCTA AATCAACACT CGATTTGATG 1080  
 10 AGTAGAACTG ATTTGATTGA AGATAAACAA CAGAAGGTAA GCTCTAAAAC TGTGACTACA 1140  
 TCTGACGGCA CTATCGTTCA TGATTTTATa GATaAATCma ACATTAAaGA TGTAAAAmCG 1200  
 aTTGGAACGa TTGGCGATtC TGTAGCTAGA GGATCACATG 1240  
 15

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 494:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1311 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 20 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 494:

25 ACGGTGGATT TAGCCTAGAA GATTTAACGC ATCAAGGTaa ATTaTCAGCA TTTAGCTTTA 60  
 ATGATCAaAc AGGTCAAGCA ACATTGATTA CTAATGAAGA TGAAAACTTC GTAAAAGATG 120  
 30 AGCAACGTGC TGGCGTAGAT GCAAATTATT ACGCTAAACA AACATATGAT TATTACAAAG 180  
 ACACATTTGG TCGTGAATCA TATGaCAACC AAGGTAGTCC AATTGTTTCA TTAACGCATG 240  
 TTAATAACTA CGGTGGTCAA GATAACAGAA ATAATGCCGC ATGGATCGGT GACAAAATGA 300  
 35 TCTATGGTGA TGGTGATGGT CGCACATTCA CAAGTTTATC GGGTGCAAAT GACGTAGTAG 360  
 CACACGAATT aACACACGGT GTGACACAAG AGACAGCGAA CTTAGAATAT AAGGACCAGT 420  
 CAGGCGCTCT AAATGAAAGC TTTTCAGATG TTTTGGATA CTTGTAGAT GACGAGGATT 480  
 40 TCTTAATGGG TGAAGATGTC TACACACCTG GAAAAGAGGG AGACGCTTTA CGCAGCATGT 540  
 CAAACCCAGA ACAATTTGGT CAACCAGCTC ATATGAAAGA CTATGTATTC ACTGAAAAG 600  
 ATAATGGTGG CGTACATACG AATTCTGGAA TTCCAAATAA AGCAGCTTAT AACGTGATTC 660  
 45 AAGCAATAGG GAAATCTAAA TCAGAACAAA TTTACTACCG AGCATTACG GAATACTTAA 720  
 CAAGTAATTC AAACCTTCAA GATTGTAAAG ATGCATTATA CCAAGCGGCT AAAGATTTAT 780  
 ATGACgAGCA AACAGCTGAA CAGGTGTATG AAGCATGGAA TGAAGTAGGC GTGGAGTAAA 840  
 50 AATATATAAA CaAGAAGAAG TAATGTTAAA CACTTATAAA TAATTAAATT TTAAATACAG 900

ATTAGATGAG AGGAGTGTGA GGGTTGTCTG CCGAAAGACT ACTCGGCAGT CTAAAATCAT 1020  
TACAAGTAGT AGATATGTGA TAATTAAATG CTGACTTAGA ATACAAAATT CATTTTAAAA 1080  
5 GTTGTACAA AAAATTTACA TGTATTTTTA TTATCTTTTG CAAAACAAAG TGTTAAATTA 1140  
TAAATGAaAC ATGCATGAAT TTATTTTSTA ATACAAGAA CGTAACTACC AAAGGAGTTT 1200  
ACAAATATGAA GAAAAGTAA CGATTAGAA TTGTTTCTAC AATAGTTAAA AAGCATAAGA 1260  
10 TTTATAAAAA AGAACAAATc ATTTCATATA TTGAAGAATA TTTTGGTGTA A 1311

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 495:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1761 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 495:

TGCACTTTCT AAAAATACTT GCTTTACTTG TTCCAATTCC TTGTCAGACA TTGATTCGGC 60  
25 TAATTTATTC ATTATTGCCT CAAATACGTT AATTATGTCA TCCATTTTCAG TACTATAAAA 120  
ATCAAACCAT TTTGCCGTAT CTTTTTCTCT ATTAAGCTTA TGATCACTTT GAGAGCGCTT 180  
AGCTAATTCT GCATAAATAT ATGGACAAGG TGCCATTGCA GCAATTGTAT AAATAGCATT 240  
30 TTCACGACTA TGCGCTTGGA AATACATATG TTTTATGTAA TGGTCGCCAC TTGGAGGCCA 300  
AACTTTTGTT TTAATGATTT CTTGCTATGA TTCACCAACA ATTTGCGCTA AAATATCATG 360  
CGCAAGTACT TCACCTTCAA CCATAAATTC TATTTGCTCT ACTAAAAATT TTACGTCATT 420  
35 CATGCTATTC ATTTTGGAA TTAACAAAGC ATATAAGTTT GTAAATTCTT TTAATACGC 480  
AGCATCAGCT TTTAAGTAAT GGCCTAATGC GTCAGcTCCT ATATCTCCGG ATAACATCTT 540  
CTGAATAAAG TCATCCTCAT AAATATCATT AATGATTGGC TTTGCAGCTT GGTACAATTT 600  
40 TTGTGAAAAT TCCATTGTAA AAAATCCTCC CTAAATAAAA AAACACTTTC CAACATGAAA 660  
GTAGTTTGAT GGCAATGTTG CTATACTAGC CCCATCACTT CAATAACTAC TTTCTACGT 720  
TGGTACTAAC CAAATCAGGT CATAAGGGTC TGAACAATTC ATCTCAGCCA TATCATTAGG 780  
45 CTCCCCTAGT AGTTCCTTAG TATTCAATTG CAAATTAATC TTAGCAAACG GTTTCAACAT 840  
TTTCAATTAT TGTTGCTCAG TTGTATTATT ATCTTTAAAT AATAATTCTA TAATGACATA 900  
TATTTGCGAA ATAAAAAAC CGGAACATAT CGAGAATTCC CCGATATATT CCAATCTAAA 960  
50 AGTTACTTAT ATAACATTA ATTAGCTATG CATAAATGGC TTATGCAGTA ACCCAATGTC 1020

TTGCTGGTGA TACACCTTTA TATTTAGCAG GTGCTACTGA ATCCCAAGTT GATTGTAAGA 1140  
 ATTGATACTT ACCAGCTGCA CCTGgATGTT GGyTTTACAG CATGAATATT GCCACCTGaT 1200  
 5 TCACGTTGrG CAATTTGTTT TAGATGAGCa TTCACATTTA CTGATGAACC TTCTGATGAT 1260  
 TTTGATyCAG TTGGTGTTCG AGTAACTTGT GAATTGTTTG ATGTTGATGC TTGTGGTTGT 1320  
 TGAGTTTGAG CATTTTGTGG TGCTTCAACT TCTTGIGATT GTACTTGATT AGCTTGAACA 1380  
 10 GCTGATGGTG CAACATTATT AGTTGCAGGT GCTTGTCAC TCATGTCTGC TCCATTAGTA 1440  
 CCTGTTGCAT GGTAATTCCA AGCAAAGTGT GTACCATCTG ATTCAAAGTG ATAAGTAAAC 1500  
 CCTTCATAGT CAAATGTATA ATTATAAGCC CCAGCTTCAA TTGGTTTTTG ATTTAATGTT 1560  
 15 TGATCATTG ATTGCGCCAT TTGCCTGAAA GATGCTTTAT TTAAGTCCGC TTCACnTGCA 1620  
 TGGGCTTCGT GGACCTGCAT TTCCTGGCTA CGATTCTTAA ACCTACTGGC nAAnGATGAT 1680  
 GCGAGTAATG TTTTCTTCAT AATCTTAAAA TCCTCCTACA AGTGAATTTG TGTCTCTAAA 1740  
 20 AGTTTTACAG TGGACGACTG T 1761

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 496:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 794 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 496:

TCATTTATGA AAAATGTCCG AnAGAnCCaa GaAAmaCAAT TGAgCGTGAA GAAAAAGCAA 60  
 35 GACTTAAAGA AGAACAAAAG GCACGTCAAA ATGAACAGCC ACAAATAAAA GATGTGAGTG 120  
 ATTTTACGGA AGTGCCTCAA GAAAGAGATA TTCCAATTTA TGGGCATACT GAAAATGAAA 180  
 GTAAAAGCCA GAGTCAACCA AGTCGAAAAA AACGAGTGTT TGATGCAGAG AATAGTTCGA 240  
 40 ATAACATCGT AAATCATCAT CAAGCAGATC AGCAAGAACA ATTAACAGAA CAAACTCATA 300  
 ACAGTGTTGA AAGTGAAAAC ACTATTGAAG AAGCTGGTGA AGTTACGAAT GTATCGTATG 360  
 TTGTTCCACC GTTAACTTTA CTTAATCAAC CTGCAAAACA AAAAGCAACA TCTAAAGCTG 420  
 45 AAGTGCAACG TAAAGGACAA GTACTAGAGA ATACATTAAA AGATTTGGG GTAAATGCAA 480  
 AAGTGACACA AATTAAAATT GGTCTGCAG TAACTCAATA TGAAATTCAA CCAGCTCAAG 540  
 GGGTTAAAGT GAGTAAAATT GTAAACTTGC ATAATGATAT TGCATTAGCT TTAGCAGCAA 600  
 50 AAGATGTTAG AATCGAAGCG CCAATACCTG GTCGTTCTGC AGTAGGTATT GAAGTGCCAA 660

ATAAACTAGA AGTTGGATTA GGaAGAGATA TATCAGGTGA TCCAATTACT GTTCCACTAA 780  
 ATGAAATGCC ACAC 794

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 497:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1161 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 497:

AGCCAGTTTT GcATTTCGTC AAATCGCAAT GAATATATTG ATTGCTTGTC AAAATTTGGA 60  
 AGAAATTTAT TCTTCTTTTT CTTTTCAGCA GTTATCATTG CTAATTGTCC TTCTTTTTTA 120  
 TCTTAGTGAT AAAGAATCCA TCTGAATTAA AGTCTTGCGG CATGATTTGT AACGTTTTGA 180  
 CCAACTCTCC AGTTATCGGA TGTGAAAACG GTTCAAATTC GAAGTTTTTA TTATTTTTCA 240  
 AAAACGTATA AATCACGTTT TCATTTTCTA GTTGCTCAAT TGTACATGTT GAATAGATGA 300  
 TTTCTCCACC TATTTTTACA TTGTTTTTTA CATTTTCCAA TATTTCAAGC TGTAAATCAA 360  
 CTAGTGACTC AATATGTTGT TTGCTTTGAG TATACTTAAT CTCCGGCTTA TGTCTCATTG 420  
 CACCTAATCC GCTACATGGT GCATCAACAA GTATCTTATC GTATGTTTTA TCATAAGGTT 480  
 TTGTCGCATC ATGTTGAAAA GCTTTAATAT TTGTTAATCG TAATTTT TTTT ATATTAAAAT 540  
 TAATTAAGTC TATTTTGTGA TCATGTATAT CTGAAGCGTC AACTTGCCCT TCTGGCATTG 600  
 AAACCTCAGC AATGTGACAA GCTTTACCGC CAGGTGCACT ACATGCATCT AATACGTGAT 660  
 CATGTGCGTC TACATTCATA ATGTGTGCAa CAAACATTGA GCTTTTATCT TGAATTGAAA 720  
 CGAATCCATC TTAAATGAA CGAGAATGAA TAATTGGTTG TCCTCCTATA TGGAGACAAT 780  
 AAGGTAAGTC ATGATCTTTT TCAACGTCAT AACCTTCGTC TTGCAACTTT TCAATAATAT 840  
 CATCTAATGA TGCTCGCGTC AGGTGGCAC GCACAGTTGT TGATGTCGTT TCTAAAAATG 900  
 ACTGTAAAAT TTTTTCAGTT TCTTCGAGAC CATAATGTGT TGCCCAATGA TCTATAATCC 960  
 ACTTCGGCAT ACTATACTCG ATTGCCATTG TTTTTTTAGG ATCTGCAATT TCATTAAAAT 1020  
 CAGGTAAGTC ACTACGCATC ATTGTACGTA AAATACCATT TACGACATTA CCATTATGAT 1080  
 AGCCACCGCG TTCTTTTGCT ATTTCAACTG CTTCATTAAT AATGGCATGA TTTGGAACCTT 1140  
 TATCTAnATA nACATATTGA T 1161

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 498:

(A) LENGTH: 1504 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 498:

10	AGCTCACGTC ATCTTCGGCG GCGCTAAATT AAAATAATCA ATTTCTGAGT TAAACTTTTA	60
	TTTACAACAT ACTATTACTA TACATTACAA ATTTTTAAAA TATACATTAC ACTCATTACT	120
	CAATGGmAAG CGTATGATTT CmCAGCCCCC CTAGCTTGTA GAAATCATAC TTTCCTTTTT	180
15	TCAATATATA TACAACTATT AAATCCCATA AGATTGCAGA GCACATAAGT AAATTTTTTTT	240
	AGAGCTTGAG GTTTGTTTAG CTTAAGCAAC CCATGAGCTC AAACACTTCC TGTTACACATA	300
	ACACTACAAA TCGCATTATG TTGCTTAATC TTATGTTTAT ATAAATTACA CACAATAAAT	360
20	AGAAAGAATG TGAACATCAT GAATAAATTA TTGCTACTCG TTACATTTAT CATTCGTGTG	420
	GGTTCAGGTA TTGTTATGTT AATGCAAGGC TACGAAAAAT TAACGGGCGG ATTTACGCTG	480
	AAAGGTTTAG TACCAGTCAT CGCTAACAAAT ACTGATTCAC CAGAGTGGTA TAAGTGGTTT	540
25	TTCGCAAATA TAGTTGCACA TACGACGTCA TTATTTGATA TTGTTGTCCC ACTCGGAGAG	600
	ATTGCAATTG GATTAGGTTT AATTTTGGGA GTTTTTCAT ATGCTGCTAG TTTCTTTGGA	660
30	GCCTTTGTTA TGATAAATTA TATCTTAGCA GATATGATAT TTACGTATCC TCTTCAATTA	720
	ACTTTCCTTA TCCTTTTACT AATGAGTCAC TCATTGTTAA AACAGATTTC ACTTAAAGAA	780
	ATCATTAAAT ACTTTAGAGG TCGTAAGAAC AGAGGTGAAA AAATAGATGA CCCACTTACT	840
35	GATCGTGGAT GATGAACAAG ACATTGTAGA CATTTGTCAA ACCTATTTTG AATATGAAGG	900
	TTACAAAGTA ACAACGACAA CTAGCGGTAA AGAAGCAATT TCTTTACTAT CAAATGATAT	960
	TGATATCATG GTACTTGATA TCATGATGCC AGAAGTTAAT GGTTACGACA TTGTCAAAGA	1020
40	AATGAAAAGG CAAAAATTAG ATATCCCCTT TATCTATTTA ACTGCCAAAA CACAAGAACA	1080
	TGATACCATT TACGCCTTAA CTTTAGGTGC AGATGACTAT GTCAAAAAAC CATTTAGTCC	1140
45	AAGGGAAC TC GTTTTACGTA TTAATAATTT ACTTACAAGA ATGAAGAAAT ACCATCATCA	1200
	ACCAGTTGAA CAACTGTCGT TTGATGAATT AACACTTATT AACTTAAGTA AAGTtGTGaC	1260
	tGTAAaTGGT CACGAaGTCC CTATGCGTAT TAAGGAATTT GAGTTATTGT GGTATTTAGC	1320
50	TTCTAGAGAA AATGAAGTTA TTtCTAAATC AGAATTACTT GAAAAAGTTT GGGGATATGA	1380
	CTATTACGAA GATGCTAATA CCGTGAATGT CCATATACAC CGTATTAGAG AnAAAATTAGA	1440
	AAAAGAGAGC TTTACAACAT ATACCATCAC AACTGTATGG GGATTAGGAT ATAAATnTGA	1500

55



## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 499:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1623 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 499:

ATTGAAAGCG ATAATTCGTA nTAATTGAGT TTGTTGAAAA ATTTAGGGTA ATGTAAAGAT	60
ATAAAAGATA CATAGATGG AGAGATATAA AGATGTTGAA TGAGATACAA ATATTAAATA	120
atGGATACCC GATGCCTTCA GTTGGGTTAG GTGTTTATAA AATCTCTGAC GAAGATATGA	180
CTAAAGTTGT AAATGCTGCA ATTGACGCAG GCTATAGAGC GTTTGATACA GCATACTTTT	240
ATGATAATGA GGCTTCACTA GGACGAGCAT TAAAGGATAA TGGCGTCGAT AGAGAAGATT	300
TGTTTATAAC AACGAAGTTA TGAATGACT ATCAAGGTTA TGAGAAAACA TTCGAATATT	360
TCAACAAATC GATTGAAAAT TTACAACTG ATTATCTTGA TTTATTTCTA ATACATTGGC	420
CTTGTAAGC AGATGCTCTA TTTTtagaaa CATATAAGC TATGGAAGAA CTTTACGAGC	480
AAGGTAAGGT AAAAGCAATA GGTGTATGTA ATTTTAATGT TCATCATCTA GAAAAATTAA	540
TGGCTCAATC AAGTATCAAA CCAATGGTGA ATCAAATTGA GGTACATCCA TATTTTAACC	600
AACAAGAATT ACAAGAATTT TGTGATCGTC ACGATATTAA AGTGACTGCA TGGATGCCTT	660
TGATGAGAAA TAGAGGACTA CTAGACGACC CTGTCATTGT TAAAATTGCT GAAAAATATC	720
ATAAACACC AGCACAAGTT GTATTACGTT GGCATTAGC ACACAATAGA ATTATTATTC	780
CAAAATCTCA GACACCTAAA CGCATTCAAG AAAATATAGA TATTTTAGAT TTTAATTAG	840
AATTAACAGA AGTAGCTGAA ATTGATGCTT TAAATAGAAA TGCAAGACAA GGTAAAAATC	900
CAGATGATGT GAAAATTGGG GATTTAAAAT AACTGGATGT TAAATTTTAC GTTTATGAAT	960
GCCTTTTAAT GTGTACATTA AAATAAATGA GTTGGTTTTT ACTATTGAT AAAACAATAC	1020
TCAGGTACAT TCAAAATCTT TTAAATAAAA AGGATGGACA TAGATGAAAA TTAGAGTCGT	1080
CATTCCTTGT TTAATGAAG GGAAGTCAT TACACAAACA CATCAACAAT TAACTGAAAT	1140
ACTTTCACAA GATAGTAGTG TGAAAGGCTA TGATTATAAT ATGCTTTTCA TAGATGATGG	1200
TAGTACGGAT ACCACTATAG ATGAAATGCA ACATCTTGCC ACAATAGATA GGCATGTCAG	1260
CTTTATTTCT TTTAGTAGAA ATTTTGGAAG AGAAGCAGCT ATGATTGCAG GTTACCAGCA	1320
TAGTACTGAA TTTGATGCAG TCATCATGAT AGATTGTGAT TTGCAACATC CACCTGAATA	1380

TAGAAGTGGT GAAAATTTTA GTCGCAAAAC ATTAAGCCAT TTGTATTATA AGTTAGTTAA 1500  
 TTGCTTTGTA GAAGAAGTAC AATTGATGA TGGTGTGGT GATTTTAGAC TTTTAAGCCA 1560  
 5 AAGAGCTGTT AAATCCATTG CATCACTTGA AGAATATAAT CGTTTTTCAA AAnGGnTATT 1620  
 TGA 1623

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 500:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 605 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 500:

20 AAAGTnGGTG AAnCTATATA CTTAATCTAT ATTTATATAT TAACCATTAG GGTAAAAAAT 60  
 TACTCTAGCA TTTATGAATA GATGGGAGTT TATTTTATTA TTATATAGGA GAGATGTTGA 120  
 ATGACACATC GCGCACTATT AGTTGTTGAC TATTCATATG ACTTTATCGC AGACGACGGC 180  
 25 TTACTAACAT GCGGTAAACC TGGACAAAAT ATTGAAGATT TTATTGTTTC TCGTATCAAT 240  
 GACTTTAATT ATTATCAAGA CCATATATTC TTTTTrrTGG ATTTACATTA TTTACATGAC 300  
 ATTCATCATC CTGAAAGTAA ATTATTCCCA CCACACAATA TCGTAGATAC AAGTGGTAGA 360  
 30 GAATTATACG GTAAAGTAGG TAAATTATAC GAAACAATTA AAGCGCAACC TAATGTACAT 420  
 TTCATTGATA AAACGCGCTA TGATTCGTTT TTTGGTACCC CGCTTGATAG TTTATTGAGa 480  
 35 GAAAGAAGTA TTAATCAAGT CGAAATCGTT GGTGTATGTA CCGATATTTG CGTGTTACAT 540  
 ACAGCAATTT CTGCATACAA CTTAGGtTAT AAAATTTcAG TACCTGCTGA GGGAGTGGCT 600  
 CATT 605

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 501:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1739 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 501:

50 TAGGTTnAAA GCATAGnTTT nTCAAAAAGA CAAATCATTC ATATATTGGA GGATATTTTG 60  
 GTGTAAGATA TAGTGCAACC ACAATTGCTA AAGACTTGAA GGAACATAAT ATATATCGTG 120

	TGAGAGAAAA GTTTAGACAC TATTGTGAAC ATGAAGTTCT AAGTTCAATC ATCAATGGTT	240
	CATACATTAT CGTCAAAACC TCACCTGGTT TCGCCCAAGG CATAAACTAT TTTATCGATC	300
5	AGCTAAATAT AGAAGAGATA TTAGGTACGG TGAGTGGAAG TGACACTACA TTAATCTTAA	360
	CTGCCTCAAA TGATATGGCA GAATACGTAT ATGCAAAATT ATTTAAATAG ACATGTATCA	420
	AATGAATAAT AAAAATTTGT TTCGTATCAC GTGTACTCAA GTTAGTTACC AAATATTAAC	480
10	TTGTGTACGC GTTTTTTTAT GGAAAGAAAG AATTCATAGT CATTCAATTG ACTGTATAAA	540
	AAACTTTATA CAACATGTTT TTATGGGTAT TTTTGAATAA AAAATGTATA TTTTGACCCA	600
	AAATACCTTT ATTTATGTAT AAAAATCCAT TATTATGTAT TGTATAACAA AAAGATATGA	660
15	AATTTTCGAC TTTCTTTATG TGAATATAAT CACATGTAAG CGTTTGAAGA TTGTCTATAC	720
	TCTAAATGAA TTCAAAGATA AAAGGAGGAA ATAGACATGA CAGATGGTCC AATTAAAGTA	780
20	AATAGCGAAA TTGGAGCTTT AAAAAGTGTG TTAAGTAAAG GTCCTGGAAA AGAATTAGAA	840
	AATTTAGTAC CTGATTATTT AGATGGATTA CTATTTGATG ATATTCCATA TTTAGAAGTA	900
	GCTCAAAAAG AGCATGACCA TTTTGCGCAG GTGCTAAGAG AAGAGGGTGT TGAAGTACTT	960
25	TACCTTGAGA AGTTAGCAGC TGAAAGTATT GAAAATCCTC AAGTAAGAAG TGAATTTATT	1020
	GATGATGTAT TAGCAGAGTC TAAAAAACA ATATTAGGTC ATGAAGAAGA AATTAAAGCA	1080
	TTATTTGCGA CACTTTCTAA TCAAGAACTT GTAGATAAAA TAATGTCAGG GGTACGTAAG	1140
30	GAAGAAATTA ATCCGAAATG TACACATCTA GTAGAGTATA TGGATGATAA GTATCCATTC	1200
	TATTTAGATC CAATGCCAAA CCTTTATTTT ACTAGAGATC CACAAGCCTC AATAGGACAC	1260
	GGTATAACAA TCAATCGGAT GTTCTGGAGA GCACGACGAC GAGAATCAAT ATTTATTCAA	1320
35	TATATTGTAA AGCATCATCC TAGATTTAAA GATGCCAATA TTCCAATCTG GTTAGATCGA	1380
	GATTGCCCAT TCAATATTGA AGGCGGCGAT GAACTTGTTT TATCTAAAGA TGTCTTGGCT	1440
40	ATAGGCGTTT CAGAACGTAC ATCTGCACAA GCTATTGAAA AGTTAGCGCG ACGTATTTTT	1500
	GAAAATCCGC AGGCGACGTT TAAAAAGTA GTAGCAATTG AAATTCCAAC TAGTCGAACT	1560
	TTTATGCACT TAGATACAGT ATTTACAATG ATAGATTATG ACAAATTTAC AATGCATTCA	1620
45	GCCATTTTAA AGGCAGAAGG CAATATGAAT ATATTTATTA TTGAATATGA TGACGTAAAT	1680
	AAAGATATTG CCATCAAACA ATCTAGTCnT TTTAAAGATA CTTTAGAAGA CGTACTAGG	1739

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 502:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1745 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 502:

5	CTGTACATAC AGCAATATCG TTAACAAATG AAAACAGTAT TTTAGGATTG TAAACCATGA	60
	TAAACCTAAA ATACTGTTAT TTTTATTACT TAAATTTCTT CTTCAATGCC TTTTCAACAT	120
	AAGGTGGAAC GAATTCAGAA ATATCTGCTC GATAAGCTGC AACTTCTTTA ACAATACTTG	180
10	AACTTATAAA TGAATAATTA GTACTAGACA TCATATATAA CGTTTCAATT TCATTGTTCA	240
	ACTTTTTTATT CATTGAAGTT AAGCGTAATT CATATTCAAA ATCACTGACT GCTCTTAAAC	300
	CACGTATGAT TGTTTTAGCT CCTACTTGTT CACAATAATC GACTAGTAAA CCACTAAATT	360
15	GATGAACCTT GACATTAGGT AAATGTTTAA CAGATTGTTT AATTAAATCC ATACGCTCTT	420
	CTAAACTAAA CGTACCTTCT TTTTACTAT TTTTAAGAAC ACAGACATGA ATTTTCATCA	480
20	ATCTATCTGT ACTTCTCTCA ATAATGTCTA AATGACCATA AGTAATGGGG TCAAAACTAC	540
	CCGGAATGAC CGCTATTGTA TGTTCCATGC TATTCTCCCT TTTCTAATAA CAATGTGTCT	600
	GTCAACCCAT AATGGTAACG TTTAATCATA TTAAACGGTT GATAATCTAT TTCTTCATGA	660
25	TTGCTAAATT CACAAACGAT GATACCATT TCTTTCAATA AATTAAACTC TGAAATTAGT	720
	TTTAAAGCTT TATCAATGAG ACCTTTATTA TAAGGTGGAT CTAaGAAAT GACATCAAAT	780
	TGAATATCAC GTTTTGACAA TGCTTTTAAA GCTCTATCTG CATTATTTTT ATAAACTTCA	840
30	GATTGTGCCT CTAAATCCAA ATTGCAAGA TTTGaTTTAA TAACTTTTAC AGCTTTAAAA	900
	TTTTGaTCAA CAAAGATTAC CTTATCCATA CCTCGAGAGA GTGcTTCTAT TCCAAGCGCC	960
	CCGCTTCTCG CAAATAAATC TAAACCTATA CCTGACACAT CATATAAACT ATTAAAGATA	1020
35	CCTTCTTTAA CTTTATCCAT AGTTGGTCTC GTATTACGGC CTTCCTACT TTCTAAAGCT	1080
	TTACTTTTAT GTTTACCTGC AATGACGCGC ATGTTGTTCA CACTTCCAAT TCATTAGTT	1140
40	ATTTAATATA ATTTATTGAG AAAAAGGAGA ATGATAAACC AATGAAACAA ACATTTATTA	1200
	CACTTGGTGA AGGTCTAACA GATTTGTTTCG AATTCATGAC GATGATTGAA TATAACCATC	1260
	AACGTATTGA TAAATTTATC TATTTTCATT CACCACAAGC TGAAAATAAA AAGTCATCTG	1320
45	TAGCAATCAT TATGAACCCT ACAACTGGCA ATCATTTCCA AGCATTTTAT ATCATGATAA	1380
	ACGTATTAA ATATCCATAT CCAGATTCAA ATAAAAAGTT TCAAATGATA AATGATTGTG	1440
	CTGAAAAATT CGACATACCA ATTTTAGGTA TCGATGTACA GCCCCCTCAA GCATTTTCATG	1500
50	ATTTATCGTT ATATTATAAT TATTTAATTA GTGTGTTAAG GCTCCAAAAA TGGATACCAG	1560
	aACTTCAATA ATATTAATTA TATATTCGT GTTTCTCTT TTCGTAAGTT TTCTTTAAGT	1620

55

TTTGATCAAC ATCTTGCTCA TTCACATACA TAATTACAAA TTTACGATCT CTATTTGAAT 1740  
GAACG 1745

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 503:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1035 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 503:

TCGTCTTTAA TCTTGCTGAC TTTAGAAGGC TTACGAGTGC GGTTACCATT TTTTGCATCT 60  
TTAACTGATT GAACTAAAGC TtGACGTGTA GATTTATCAG CTAAACTAAT TGCACCACCA 120  
ATTACGGCAC CAATTAAAT ACCAGGAACA AATTTATTTT CCATAAAAAA CTACCCCTCT 180  
TTCAAATTTG CATCTTTTAC GATGTAGTCT ATTAAATTAT CACAAGATGA TAATACCATG 240  
TCGTATACAC CTTCAAAATT ATTCTGTAG TATGGATCTG GTACATCACT CTCTTCCATA 300  
TTACTAAATT CTAACAGTTT GAACAATTGT CCGTTAAGAT TAGGATTGAT AGATTTAATA 360  
TTATCAACGT TACTTTGATC CATAGCCACA ATGTAATCAA AATCATCTGT CGCTTCGAAT 420  
AATTCATAA TCATGCCATC AAATGGAATA TTGTGTTTGT TGAGAATTTT TTGTGTACCT 480  
TCATGAGGTG GCTCTCCTAA ATTCCAGCTA CCAGTACCTC TTGAATGTAC TTTAATATCA 540  
TGAATATTTC TGTCTTTAAG TCTTTGTGCGC ATGATTGCTT CTGCCATTGG AGAACGACAT 600  
ATATTGCCAA GACAGACAAA TGCTACATCT ACCATTTTGA TTCCTCCAAA CTATGTAGTT 660  
ATATCCCAT TTTATAGCGA CTTTAAACAA TAAGAAAGCA GATTATATAA AATTCTATTA 720  
AAGTTTATTA AATTGTGATA CTTTGATAAC ATAACTATTA TTAGAGGTGA ACATTGTGGC 780  
TATGACAAAT GAAGAGAAAG TnTTAGCTAT TAGAGAGAAG TTAAATATtG TTAATCAAGG 840  
ATTATTAGAT CCTGAAAAAT ATAAAAATGC AAATGaAGAA GAATTAACAG ATATATATGA 900  
TTTTGkTCaA yCAAGAGaAA GATTGTCGCC AAGTGaAGTG mCAGCTATTG CTGaCGCTTT 960  
AGGACAATTG CGACACGAAT AGGAGTGGGA ATTTTGAATA ATTACAAAGA AAAGTTACAA 1020  
CAATACGCTG AACTA 1035

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 504:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1284 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double

## (x1) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 504:

5 AnCCTGACAA GATTCTTATA TTCATAGATA TGAGAGCTAA AAATGAAATC AACAAACAnA 60  
 CAATAAAGTA AACGATAATA GCCCATATAC CATTTTGTAA CCATATTACA AATTGTGTTG 120  
 10 TATTATAGCC ATTTCCAGCT AATAATTGCT GGATAAATGC ATTATTGTTT AATGTATTTT 180  
 CAAGATTAGC AAtCGATGTG TTATTACTGA ATGAAACAAG TGCTATAAAC ATCGTAATGA 240  
 CAGTAAGCAC TAATAACATC ACCCAACATA ACCAACCTAG AACTTTTTCa GTTAATCTAC 300  
 15 TTA CTGGACG TTTAATTTGA GTAAATTGTT CTCCAGTCAT TCGTTACAAC TCCTTATAGT 360  
 ACTTATCCCG TTATTATAAC TAAATATACA GTAAATAACT ACTATTTATG ATTTTATTTT 420  
 AATGACATTT TGAAATTCAA AAAGTTTTCA TTGTATTCAC TTAAAACTTC AGGTCCTAAA 480  
 20 TCTTTATAAA CTTCAAGGCG TTCTTGCTCT TTCTTAGTCG GATAAAAACG ATGGTCGTCT 540  
 TTAATCTCTT TAGGCAACAA TTGTCGAGCA GCCTTGTTTG GCGTTGCATA GCCTACGAAT 600  
 TCTGTATTTT GCTTGTTATT TTTAGCATCT AATAAAAAAT TCATAAAATT ATATGCACCC 660  
 25 TCTTTATTTT GTGCCGTTTT TGAATTACC ATATTGTCGA ACCATAAAAT CGATCCTTCT 720  
 TTAGGAATAA CATAATTATA TTTATCCCTT TCTTGCACTA GAGGTGCTGC AACACCACTC 780  
 CAAACAACCG CTATGTTACC TTCATTTTGT TGAAGCATCA TGGTAATTTT ATCACCTACG 840  
 30 ACACCTCTTA CTTGTGGTGC TAGTTTGGTT AAATCTCGCT CTGCTTCTTT TAAATGGTGC 900  
 GAATTACGGT CATTAGATT ATACCCAAGT TTATTCAAAC TCATGCCTAT AATCTCTCTA 960  
 GCACCGTCAA CTAGTAAAT TTGGTTTTTA AATTAGGAT TATACAATGA CTTCCAAC TA 1020  
 35 TCAATGATT CATTGGATA CTTTTCTTTA TTATATAAAA TACCTACAGT TCCAAAGAAA 1080  
 TAAGGTAAAG AATATTTATT GCCTCTATCA AATGACATAT TCATATAATC TGAATCTAAA 1140  
 40 TTTTAAATAT TAGGTACCTT ATTATGATCT ATTGGTAACA ATAAATGATC TCTTTTCAAT 1200  
 TTTTGAAC TG nATATTCACT AGGAnAAGCA ACATCATAAT GTGTACCGCC AGTGCGAATT 1260  
 TTGGnGTCCA nCGCTTCATT TGAA 1284

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 505:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 5763 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	ATAATTAACA TCTTTTGCTA TATACCACCA GTTTGATACA TAAAATATCG CAGCAATAAT	60
5	ATCATGTTTA ACCCTAATGA TATTATCTGA TTTTAATAAT AAGGTTGCTG TCCCTACAAC	120
	CATTAATAAAA ACTATGACTG CTGGTAATAA ACGTTTTTAAA CGACGTATCC AAAAGCTTTT	180
	CAATTTAATG ATACCTGTGT CATCATACTC TTTGAGTAAT AAGCTTGTA TTAATAAACC	240
10	AGAGATCACA AAAAATGTAT CCACACCTAA AAAGCCACCT GtCAACCATT GCTTATTTAA	300
	GTGGTAAATA ATAATTCCTA GAACAGCGaT TGCCCTCAAA CCATCGAGCC CTGGAATATA	360
	TCTCATTTTC TTATACTTTG TAAAACCCCTT TGTTTTGTTT ATTTTTCAT TCTTCCCTTT	420
15	TAAACTGTT CTTCTTAGAT GCTTAATTAA ATTTAGTTAT GCTGTTTAAA AGAATATTGA	480
	AATGCATATG TATATTATTG AATTACGACA TCATCAAAAT CATATTGACT AAAATACTGT	540
	TAAATTAAAA AAATTACCAA TGATGATTCT TACTTCGAAA TCCAATTTGT AATGCAACTC	600
20	GGCAACTTAA AACTATGAA GTATTATGTA TTGTAATATA ACTGTAATAT AAATTCAATT	660
	TATTATAAAA ATTTTCAAGA AAATATTCAA CTAGAAAATG AATTGTGCAC TCTTGGAAGT	720
	GCAAGTCACT GTCTTAATTC ATATTTTTTG AAACAAGTTA GATATAAATT TTCAAATAA	780
25	AATCAGAAAC TAGAACATAA ATAAGGCTCC CTTCAAAATT TTCATTTTTC AATGTCTACT	840
	TTGAAGGGAG CTTATTCACA ATGAATTATA CTCTACAATG TTATATTGAC TGCGGGCCCA	900
30	AACACAGAGA ATTTGAAAAA GAAATTCTAC AGGCAATGCA AGTTTATGTT AGCTCACACC	960
	AAGTGCAATC TTAGCGTAAC GTGACATCAT ATCTTTTGTC CAAGGTGGAC TCCATACGAT	1020
	ATTCACTTCA GTATCCTGAA TTTCAGGAAT CTCTGCTAAT ACTGTTTTAA CTTGaTCAAT	1080
35	AATTTGAGGT CCCATTGGAC ATCCCATGTA TGTTAAAGTC ATATCAACTG TACATACGCC	1140
	TTCATCATCA ACATTCACCT TGTATACTAA ACCCAAATTA ACGATATCAA TTCCTAATTC	1200
	AGGGTCAATT ACCATTTCTA ATGCACCTAA GATACTATCT TTCAATGCCT CTCCATCCA	1260
40	TATCACCTCT TTAATGTCAT ATTATTCATA ATATATCAAA TATCCGACAA AACGCCAATA	1320
	AAATGCTATG ATGTATCTAT ATGAACTAAG CAACTTATGA GGAGAGAGAT ATGCAACCAC	1380
	ATTTAATATG TCTAGACTTA GACGGAACAT TATTAAACGA TAACAAAGAA ATTTGATCAT	1440
45	ATACTAAACA AGTATTAAAT GAATTACAAC AACGTGGaCA CCAAATTATG ATTGCGACTG	1500
	GCAGACCTTA TCGTGCAAGT CAAATGTATT ATCATGAATT AAATTTAAG ACACCAATTG	1560
50	TTAATTTTAA TGGCGCTTAC GTACATCACC CTAAAGATAA AAACCTTCAA ACTTGCCATG	1620
	AAATTTTAGA TTAGGCATC GCACAAAACA TTATTCAAGG ATTACAACAA TATCAAGTAT	1680
55	CGAATATTAT AGCAGAAGTG AAAGATTATG TTTTCATTAA CAATCATGAT CCAAGATTAT	1740

	AAGAATCCCC TACCTCAATT TTAATTGAAG CCGAAGAAAG TAAAATACCT GAAATCAAAA	1860
	ATATGCTTAC TCATTTTTAT GCCGATCATA TTGAGCATCG ACGCTGGGGC GCACCATTCC	1920
5	CTGTCATTGA AATTGTAAAA CTTGGTATTA ATAAAGCAAG AGGCATTGAG CAAGTTAGAC	1980
	AATTTTTAAA TATTGACCGA AATAATATTA TTGCATTCGG TGATGAAGAT AATGATATTG	2040
10	AAATGATTGA GTACGCGCGT CACGGTGTTG CTATGGAAAA TGGTTTGCAA GAACTTAAAG	2100
	ATGTAGCGAA CAATATTACA TTCAACAATA ATGAAGATGG CATTGGTCGA TATTTGAATG	2160
	ATTTCTTTAA TTTAAATATT AGATATTACT GTTAATTTAT AACTAATCAT TTTATAATAT	2220
15	TTTAAACAA TAGGAGGTAA GTTACGATGC CCAAATAGT CGTAGTCGGA GCAGTCGCTG	2280
	GCGGTGCAAC ATGTGCCAGC CAAATTCGAC GTTTAGATAA AGAAAGTGAC ATTATTATTT	2340
	TTGAAAAAGA TCGTGATATG AGCTTTGCTA ATTGTGCATT GCCTTATGTC ATTGGCGAaG	2400
20	TTGTTGAAGA TAGAAGATAT GCTTTAGCGT ATACACCTGA AAAATTTTAT GATAGAAAGC	2460
	AAATTACAGT AAAAaCTTAT CATGAAGTTA TTGCAATCAA TGATGAAAGA CAAACTGTAT	2520
	CTGTATTAAA TAGAAAGACA AACGAACAAT TTGAAGAATC TTACGATAAA CTCATTTTAA	2580
25	GCCCTGGTGC AAGTGCAAAT AGCCTTGCTT TTGAAAGTGA TATTACATTT ACACTTAGAA	2640
	ATTTAGAAGA CACTGATGCT ATCGATCAAT TCATCAAAGC AAATCAAGTT GATAAAGTAT	2700
	TGGTTGTAGG TGCAGGTAT GTTTCATTAG AAGTCTTTGA AAATCTTTAT GAACGTGGTT	2760
30	TACACCCTAC TTTAATTCAT CGATCTGATA AGATAAATAA ATTAATGGAT GCCGACATGA	2820
	ATCAACCTAT ACTTGATGAA TTAGATAAGC GGGAGATTCC ATACCGTTTA AATGAGGAAA	2880
35	TTAATGCTAT CAATGGAAAT GAAATTACAT TTAAATCAGG AAAAGTTGAA CATTACGATA	2940
	TGATTATTGA AGGTGTCGGT ACTCACCCCA ATTCAAaATT TATCGAAAGT TCAAATATCA	3000
	AACTTGATCG AAAAGGTTTC ATACCGGTAA ACGATAaATT TGAAACAAAT GTTCCAAACA	3060
40	TTTATGCAAT AGGCGATATT GCAACATCAC ATTATCGACA TGTCGATCTA CCGGCTAGTG	3120
	TTCCTTTAGC TTGGGGCGCT CACCGTGCAG CAAGTATTGT TGCCGAACAA ATTGCTGGAA	3180
	ATGACACTAT TGAATTCAAA GGCTTCTTAG GCAACAATAT TGTGAAGTTC TTTGATTATA	3240
45	CATTTGCGAG TGTCGGCGTT AAACCAAACG AACTAAAGCA ATTTGACTAT AAAATGGTAG	3300
	AAGTCACTCA AGGTGCACAC GCGAATTATT ACCCAGGAAA TTCCCCTTTA CACTTAAGAG	3360
	TATATTATGA CACTTCAAAC CGTCAGATTT TAAGAGCAGC TGCAGTAGGA AAAGAAGGTG	3420
50	CAGATAAACG TATTGATGTA CTATCGATGG CAATGATGAA CCAGCTAACT GTAGATGAGT	3480
	TAAGTGAAGT TGAAGTGGCT TATGCACCAC CATATAGCCA CCCTAAAGAT TTAATCAATA	3540

55



	GTTAGAATTA TGTTGGACTG GTACTACTAT CCAGTCCATT TTTTATGTTT AACATTTT	3660
	GAATCAAAAA AGACATAAGG TCTTGGACTA ATAATTGTCC ATGCCTTATG TCATATACTA	3720
5	TATGTCTTAT CAATTAGCCA ATACCGAATA ATTTTGATAT AGGSCCTAAC GGTAGAATGA	3780
	CACCTAATAC CATTGTGATG ATAATTAATG CAATTGTTAT CCAAAACATT GTGTGACTTT	3840
10	GTTTCATGTCT CTTTCTTTTA GCAATCGACA CTTCATCAA TCCAACACT GCAACACCAC	3900
	ACAGCATTTT CAATGTAAGC AACATATGAT TTGCCCCGCC ATTCATAAAT GACTGAATTA	3960
	ATATCCAAAA TCCTGAAATT AACGTCAACA GCATAAATAA GCGTAAATC ATGTGCAACG	4020
15	GTTTGAAAAA TGGTGATCTG CCTTGATTTT TTGAAATGTT TAAGTATGTA GCGATAAATA	4080
	AAATAATCGC TAATACCCAA CTTAATATAT GTAAATGTAA CATACTGATT CCCCCACTT	4140
	TAATTATTTA TATTATTAAA TTAAAGCTTC TTGGGATTAA TACCCACTTG CTTGTAATTT	4200
20	AATCATGATT TGATTATACA CGAATATATA TTCTACCACA CTTCTATATT TGAGAGGAAG	4260
	AACATGACAT TTTATTCCTT ATTAGAATAT TGTGAATCTG CTGTAAATA ATCAACTACT	4320
	TCTTAATATC AATATTTAC TTTCATCTCA AAATGGTAAC ATTATAAATA ATTTATCTTT	4380
25	AACACCTTTT TAGAAAAGCA AGAAAAAATC AACCAATCTA TATAAAGACT GGTTAGCTTT	4440
	TTAAATGATA ATTATTTAGC GATATAAGTT GTCAGCGTTC CAATATTATC AATAGTCACT	4500
30	TTAACTTCAT CACCTGGTTG TAAAAATTTA GGTGGTTGCA TACCTGCACC AACGCCTGCT	4560
	GGTGTACCAG TTGCAATAAT ATCTCCCGGA TGTAGTGCAA CATATTTTGA AATTTCTTCT	4620
	ATTAATTCAT CAATTTTAAG AATCATTTTCG CCAGTGTAC CATCTGTCT AATTTCAATTG	4680
35	TTAACTTTTG TAACAATATT TACATTTTCA GGTAATGGTA GTTCGTCTTT AGTAACGATA	4740
	TAAGGACCCA TTGGGCAACC GCCAGTTAAA CTTTTTGATA AAAATGCTTG ATCTTGTTCA	4800
	CTTTGTGCTT TGCGATCAGT GATATCGTTA ATAATTGTAT AGCCGTAAAC ATAATCTAAA	4860
40	GCTAATGCTT TTGGAATCTT TTCACCAGAC TTACCAATAA CAATACCTAA TTCACCTTCA	4920
	TAATCTAATT GATCAGTAAT ATCTTTATGA TTTGGAATTG TTGCATTATC TCCTGTTAAA	4980
	GATGACGCTG CTTTGTAAA TACATATAAT TTTTCCACTT CATGATTTAA TTCGTTGCA	5040
45	TGATCTTTGT AATTTCTACC AAAAGCAATC ACATTATTCG GAGGTGTTAC TGGTGGTAAA	5100
	AATTCAATGT CATTAAATGA AATTTTATAG TCTTCAGCTT TGCCGCTATC TTCTGCTGCT	5160
50	ACAACTGCTT TACGTACTTG TTCTTGAAAA TCTAAAGTAT GATTTTGTG TAAACCAGCT	5220
	AACAATGTTT TAGGATGGAA ATCTCCTTCT GCAAAGTCAG CAAATACTTG TGTAAATCC	5280
	CATACAGCAT CTTGCGGTTT TACTTTAACG CCATATGAAG TTTTGTCAAT ATACTTGAAT	5340

55

TTCGTTATCA AATAACAAAT AAATAAGTAA GACAATTTTG AAAATGAGTT GTGTTCAATC 5460  
 TGCTACAAGG ACTTTGCACT TAATCGAAAT TATTTTTTAT TCTTTTGAAA ATCAAAATAC 5520  
 5 TATAGTTGCA ATGTACCAAA TTTGAAGAAG TATAAATAAC CTTTAACTTC TTTATTAAGA 5580  
 ATCGTTTGAA GCGTATTTTG ATAATATTTT ATCTGTATCT TATATTTATT TTTAATTGT 5640  
 10 GTACCAATTT CTTTCATCTGT CATCCACGG CGACGATTAA ATGCATCGGT TTTATAGTCT 5700  
 ACAAATAAT GCACACCATC TTTAACAAAG ATTAAGTCAA TCATACCTTG AATAATTGAG 5760  
 ACG 5763

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 506:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 422 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 506:

25 CCATATGATT TTGTGCAATA ACTCTTTTTC TTTCTTCTTT TCGTAAAAAG TTGTACATCG 60  
 CTTTGTGTT TAAGAGACTA TTGTTTCTT TAGGTTTTTG AACTTCACTC AGTGATTTTC 120  
 TAGTTGTTAA CACTAAAATT CCAACTGTTG TATCTTTGTA TCTAGCCATA ACTTTATTCA 180  
 30 GATGTTTGTC ATTTGTAATA ACTACGACAT AATTAAACAC TTCATAATAA TCATTAATTT 240  
 GATTATCTAA TCTATCCAGC TTATCTAATT CTGTTTAAAT CTCATAGACA ACGCCTTTGC 300  
 35 CGTTTAACAA TATAAATCA GCaATACTTT TCCCTATGGG CATCTCAGAA AGTGCAGTAG 360  
 TTGTATTAAT AGAATGTCGT CCTAGAAGGA GtKtATTAAG TATnGTGTTT TTGTAAAAAT 420  
 AT 422

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 507:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1188 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 507:

50 GCTTATGTAT TCTCAAAATA TTTATGTGAT ACGCAAAGGA GACATGGTTA TTCGACCAGC 60  
 ATTTGATGAT GACGATCAAA GAAACGGTAG TGAAATAATT CGGTTTGACA AAACCGGTAT 120

TTATCTTGGC AAGAAAGCAG AGACAAACCG CATTACTGGC ATTTCTAGTA AACCACCTAT 240  
 TTTACTAACA CCATTATTTC CAACTTATTT TTTCCCAACA CATTCTGACA GACAAAATGA 300  
 5 AAATATTTGG TTAAATATGC ATTATATCGA AAGTATTAAA GAATTAAAAA ATCGTAAATG 360  
 TAAAGTGACA TTTATTAATA ATGAATCAAT CATTCTTCAT GTTTCATACC ACAGTTTATG 420  
 GCATCAATAT AACAAATCCA TTTTCTACTA TTACATGGTA GATAAACAAT CTCGCATGAT 480  
 10 ATCAAAAAAT CCCGACCAAC CAATAGATTA TAATAAAGCC ACATTGAATG TGTTTGAAGC 540  
 ATTGACACGC TATTCTTTAT TTGAAGATAA ATAAATTGTT TATTTTAAA ATATCGGAA 600  
 15 TGTTTATAA ATATAGTGTA AATGTTCTGC ATATTTTTTT AAGGTATCTA TTGCAAATTA 660  
 ACTTAATCTT GTTATAATAA TATTTGTGCT TGaTATTCAA ACACATACAA ATTAATCCAC 720  
 AGTAGCTCAG TGGTAGAGCT ATCGGCTGTT AACCGATCGG TCGTAGGTTT GAGTCTACC 780  
 20 TGTGGAGCCA TTGGAAACGT ACTCAAGTTG GCTGAAGAGG CGCCCTGCT AAGGtGTAGG 840  
 TCGCGAAAgG CGCGAGGGTT CGAATCCCTC CGTTTCCGTT ACTTGCTAAA ATGGTATATA 900  
 CCATTTTAnC TTTTTGTTT ACTTATATAT AATGAATGAG AATTTCACTG TTCTTTTATA 960  
 25 TCAATTTTAA AATTCTAAAA ACCTTCCTA GATAATCTTC TCTAAGAAAG GTTTTATAC 1020  
 TTGTTGAACT TATAATTAAT TTATTACATA GCAATATTTA CCTGTTTTTA ACTATAAAAT 1080  
 TATCACTACA TGAAATACGA TAATTCGGaT CTCTTAACTT CTCTGCaATT AATGtACTCA 1140  
 30 TTGgTTTCAT CGTATGATTC ATGTATAATA GCATTTkTTA AATAATTC 1188

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 508:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 840 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 508:

CCCAACTTCG GTTATAAGAT CCCTCAAAGA TGATGAGGTT AATAGGTTTC AGGTGGAAGC 60  
 45 ATGGTGACAT GTGGAGCTGA CGAATACTAA TCGATCGAAG ACTTAATCAA AATAAATGTT 120  
 TTGCGAACAA AAtCACTTTT ACTTACTATC TAGTTTTGAA TGTATAAATT ACATTCATAT 180  
 GTCTGGTGAC TATAGCAAGG AGGTCACACC TGTTCCCATG CCGAACACAG AAGTTAAGCT 240  
 50 CCTTAGCGTC GATGGTAGTC GAACTTACGT TCCGCTAGAG TAGAACGTTG CCAGGCATAA 300  
 TATTAATCCA CAGTAGCTCA GTGGTAGAGC TATCGGCTGT TAACCGATCG GTCGTAGGTT 360

GGCGGTAACA CGGGTTCGAG TCCCGTAGga GTCATACAAG CAGAAGTGAA ATATCGCTTC 480  
 TGTTTTTTTTA TTACATATTT ATTGTTGAGG AAGGTTGTCC GAGCTGGCCG AAGaGCACGC 540  
 5 CTGGaAAGTG TGTAGGCGTC ACAAGCGTCT CAAGGGTTCG AATCCCTTAC CTTCCGTAAA 600  
 GGcGCTTAAA TTGGTTTTAC CCATTTTAAG CGCTATTTTT ATTTTGACT CAATCCCTTG 660  
 ATATATCTGC ATTTGAGCTA TTATCCTCAT TTTTACACTT CTTATTTATT TATATCCATT 720  
 10 TAAAATTTTT TAGCCACAAT GTGACTAATT TTTGaTGAAT AATCCTAATT TTAGtCACAA 780  
 GATTTTGAAG TTTAGTCACA AAACAAATCA TTCAGATTTT TTTCyATAAA TTTAGTTTCA 840

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 509:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1373 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 509:

TTCTATGAAA CTATCAGCTG TTTCTTTTTC CTTGGTAAAA ATCGTTTTAA CGCCATGATA 60  
 CATGTATTCT CTTTCAaCAC CCGATTGGTC ATAAGCATCG AAAACACAAA TAATTTTCATC 120  
 TGAAATAACT GCATTATAAT TTGCAATTGC ATCTATTAAT TGCATTCTAG CTTCTTCTAA 180  
 30 ATTCTCTTTT GCAATGGCGC TTAGCGTTGG TGATTGTCCT ATCATATTGT ATCCATCAAT 240  
 GATTAAGTAA CGTTCTTTCA TTATATTTCT CCAACATCAT GTCTTTTTCG AAATACTTCG 300  
 TACATCATTa AACTTGCTGC AACCgaAGCA TTCAAAGTGT TTACATGTCC AACCATTGGA 360  
 35 ATCTTAATAT AAAAATCGCA TTTATCACTT ACTAGGCGAC TCATACCCTG TCCTTCGCTA 420  
 CCAATTACAA TAGCCAATGA CATGTCCGCT TCTAGATTTT TATAATCTGT TGCATTATTA 480  
 40 GCTTCAGTGC CAGCTACCCA AAAGCCATTA TCTTTTAGTT CATCGATAGT TTTAGCTAAA 540  
 TTTGTCACCTC GAATAACTGG TACATGTTCA ATTGCACCTG TTGAGGCTTT TGCAACTGTT 600  
 TGCCTTAGTG TAACTGAACG ACGTTTAGGA ATAATAACAC CATCAACTCC CGTTGCATCG 660  
 45 GCTGTTCTTA AAATTGATCC CAAGTTATGT GGGTCTTCTA AGCCGTCTAA TATAAGTACT 720  
 GTCAATAAAC CTTCTTTTTT TTTTGTCTGT TTTAAAATT GATCGAAGTC AGCATATTCA 780  
 TATGGTGCAA TAAGCGCTGC AACACCCTGA TGTGGTGCAT TTGCTAAAAA ATCTAATTTA 840  
 50 GATTTTGGTA CAGTTTGAAC AATGATTTTT TGATCTTTTG CATTTTTTAA AATTTTATTA 900  
 ATTTGTTGCT TTTTAATACC TTCTGAATC AATATCTTAT TTAYCGGATG CCCAGTAATA 960

TTCGTTTACT ATTGTTATTA TTTTATTAA TAATGCCTCT AATCGTTCTT CTCTTTTTC 1080  
 TAAATAaAGA AAACCTATCA CTGCTTCTAT CkCTGAACIT TTACGATATG TTTGAACATC 1140  
 5 AGTGTTTTTA GCTTTAGTAT GACTTTTCGC GTTACGCCCT CGCTTCAAAA TATCCATTTC 1200  
 TTCGTCTGTA AACCATTCTT GCTCCATTAA ATATTCTAAC GTTTGCGCCT GACTTTTGGC 1260  
 AGATACATAT TTTTtagACA TTTGATGTAG TTTATTAGGC TTACTTTTAA GCTTTAAAAC 1320  
 10 GATATAGGTA CGTACATATT GATCTAaGAC TGCGTcncCC ATATATGCTA AGG 1373

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 510:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 717 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 510:

TCAAGTGCCA ACTACACAAC TGATTACAT TCTTTAGGTC AATATGTACA AGAAGGCCGT 60  
 25 CGCTTCTTAT TCGAAACAGT TGTAaAGTA AATCATCCTA AATATGATAT TACTATTGAA 120  
 AAAGATAGTG ATGATCTAGA CGGATTAAAT TATTTAGCTG GTAAaCAAT CGACGAaGTT 180  
 AACACAAAAG CATTGGAAGG TACATTATTA GCGCATACTG ATGGTGGTGT TCCTAACATG 240  
 30 GTAGTGAACA TTCCACAATT AGATGAAGAA ACTTTCGGTT ACGTCGTATA CTTCTTCGAA 300  
 CTGCTTGTTG CAATGAGTGG ATACCAATTA GCGGTAAATC CATTTAACCA ACCTGGTGTA 360  
 GAAGCATATA AACAAAACAT GTTCGCATTA tTAGGTAAAC CTGGTTTTGA AGaCTTGAAA 420  
 35 AAAGtATTAG tAGAACGTTT ATAAaATACA TTACTTCAAA GATTAGTGAA GTTTGAAAAG 480  
 ATAGAACTAG ACGTTAACTA TTTAAAGCAT ATTTTCGAGG TTGTCATTAC AAATGTAAAA 540  
 40 ATGTAATGAC AACCTCGTTT TTATTTATAT GCAAGAACTA GGTTACTAGC TAaTGTGACA 600  
 AGATGTTAAG AGAAAATTAA aGATAAAATA ATATCTGCCT TACAATAATA TTGTTATACT 660  
 ACTAGnGACT GATTTATTAG CATGATTACA TGTTAATGTT TCTTTACTTA GTAATTA 717

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 511:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2700 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	AATCTAATTT	TTCCTCCTAA	TCTCGGATTG	GATAGTGGTC	AATTTTTCTG	GCCCGCCATT	60
5	TTAGCGTTTG	TTCTAACTGG	GATTGGTTTA	CCATTATTAG	GTGTGATTGT	AGGTGCACTT	120
	GATAAAGAAG	GATATATTGG	CGCATTAAAT	AAAATTTTAC	CTAAATTTTC	AATATTGTTC	180
	TTAATCATCA	TTTATTTGAC	TATAGGACCA	CTTTTGTCAA	TACCTAGAAC	TGCATCTACA	240
10	TCTTTTGAAA	TGACAATTAC	ACCAATTATA	CATAGCAATA	GTAGTATCGC	TTTATTTATA	300
	TTTACGATTA	TCTACTTCAT	AGTCGTTTTG	TATATTGTGT	TAAATCCATC	TAAGTTAATC	360
	GATCGTATTG	GTTCAATTAT	AACACCATTA	TTATTGATTA	CTATTTTAGC	GATGATTATT	420
15	AAAGGATACT	TAGACTTTAG	CGGTAATAGT	GCTGGAAAGG	GCAATGAAGC	ACTATATCAT	480
	TCTAATTTTT	CAAGTTTTGC	TGAAGGCTTT	ACACAAGGCT	ATTTAACAAT	GGATGCCATT	540
	GCAGCAATTG	CTTTTTCAAT	GATTGTTGTT	AATGCAGTAA	AACTAACAGG	CATTACTAAA	600
20	ACAAATCAAA	TATTCAAACA	AACTTTGACT	GCTGGTTTAA	TTGCAGCCGT	AGCTTTAATT	660
	TTCATATATA	TTTCATTAGG	TTATATTGGT	AATCATATGC	CAGTAAGTGA	CATGACGTTA	720
	GATCAATTGA	AATCCAAAGA	TCGAAACATT	GGGACATATT	TATTAACGAC	AATGGCTTCA	780
25	ACAGGATTTG	GTTCAATTCG	AAAATATTTA	TTGGGCATCA	TTGTGGCGCT	GGCATGTCTA	840
	ACTACAGCAT	GCGGGCTTAT	TGTTGCAGTT	TCTGAATATT	TCCATAGAAT	CGTACCTAAA	900
30	GTATCATACA	AAGCATTTGT	ATTAGTTTTT	ATTTTAATGA	GTTTTATTAT	TGCTAACCAA	960
	GGTTTAAATG	CTGTTATCTC	AATGTCAATT	CCGGTATTAA	GCATTGTATA	CCCAGTAGCA	1020
	ATAACTGTTG	TATTATTAAT	TTTAATTGCC	AAATTCATAC	CGACAAAACG	CATTTTCACAA	1080
35	CAAATTCCAG	TTATTATCGT	ATTTATATTG	TCGATTTTCA	GTGTTATTAG	TAAGTTAGGT	1140
	TGGcTGAAAA	TTAACTTTAT	AGAATCATTG	CCTCTAAGAG	CGTATTCCTT	AGAGTGGkTC	1200
	CCAGTAGCAA	TTATTGCAAC	GATATTAGGC	TATCTAGTCG	GCATATTTGT	AAAACAAGAT	1260
40	CCAATTAAAT	ATCAACAGGA	ATAACGAATA	ATATAAAAGA	GGTTGGGACA	TAAATCCCTA	1320
	AAAAAACAGC	AGTAAGATAA	TTTTCAATTA	GAAAATATCT	TACTGCTGTT	CTCTATTTAT	1380
	ACAATACTTC	GTATTGAATG	GCTTCGCTTT	CCTAGGGTGC	CGTCTCAGCC	TCGGTCTTCG	1440
45	ACTGGCACTG	CTCCCTCAGG	AGTCTCGCCA	TTAATACTAC	GTATTAACGT	GTAATTTTAC	1500
	TTTGAAATAC	TTTAAAAAAA	TAAGACACTT	TGCCCAACTT	GCACATAAAT	GTAAAATTCA	1560
	ATAAAATAAA	TTTTCTGTGT	TGGATCCCTT	CGTATAATTT	AATAAATACT	ACTAAACTAA	1620
50	ATTAACGAGG	TGCCTTATGT	ATAAAAATTA	TAACATGACC	CAACTTACAC	TACCAATAGA	1680
	AACTTCTGTT	AGAATTCCTC	AAAATGATAA	TACGCGATAT	GTTAATGAAA	TTGTTGAAAC	1740

55

AAGATATGCA TACCGTAATG ATAGATATAG TTTTAAACGT GACTTCAAGC TATATGAATG 1860  
 5 TGATGACTGT TCATCATGTT CTTTGAGACA TCAATGCATG AAGCCAAATT CGAAATCCAA 1920  
 TAAGAAAATT ATGAAGAATT ATAATTGGGA ATACTTTAAA GyCCAAATTA ATCAAAAGCT 1980  
 TTCTGAACCA GAAACGAAAA AAATCTATAG TCAAAGAAAA ATTGATGTAG AGCCTGTTTT 2040  
 10 TGGATTTATG AAGGCTATTT TGGGTTTCAC TCGAATGTCA GTTCGAGGAA TAAATAAAGT 2100  
 TAAACGAGAG CTAGGTTTTG TATTAATGGC ACTTAATATA AGGAAAATAG CAGCTCAACG 2160  
 AGCTGTACAT TATAAAATAC ATATCAAAAA AGCTGATTTC TATCAAATAA TTAATAGAAA 2220  
 15 TCAGCTTTTT TACATTGCCT AAGAATTTAA TGTCCCAAGC CCTTTTTATC GAATAACTTA 2280  
 TTGTAAACCT TGTCTTCTT GGTATTGTT TTCGTTATTT TTTTCGTGTT TTTGTTTCCA 2340  
 CTCTTTTTGA GTCATTACAT CGTCAACTTG CATGTTAAC TCAACTACAT CTAAACCAGT 2400  
 20 AATATATTTA ACTTGTCTT TAACTAATTC AGTTACTTTA CGGAAGATTT TTGGTGCTGA 2460  
 TTCACCATAT TCTAAGATTA CTTTTAAGTC TACAGCAGCT TGTTTTTCAC CAACTTCAAC 2520  
 AGATACACCT TGAGTAACAT TGTTGCCACT TGAGAATGCA TTAGTGAATG TATCAGTTAA 2580  
 25 GCCACCTTTC ATATCTAAGA TACCTTTAAC TTCACGTGCA GCGATACCAG CAATTTTTTC 2640  
 AACAACTTCA TCAGAGAATG TTAATTTGnt TTTGAATTGA GGCTCCTGAT TThGTTChTG 2700

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 512:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1135 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 512:

40 ATCAAATACA ATAATTAAAA TAaTGGCTAA TACaCCTAaA ATaATAATcG AGTTaGAGTA 60  
 GCCTAAGCGA yCACCcTAAC aGTArACATT CTAGGCATAT ATTTaTCTTT AGACATTGAA 120  
 GCGCTAACA TCGGAAAAGC TGTAATCCA GTGTTGGCTG CTAATACCAA AATCATCAGC 180  
 45 GTCGTTGCCT GTACAAAATA GAAGGCAGCA TTATCACCAA ATATTTGCAT AGCTAATTGT 240  
 GATAAACTG TCGTTTCCGT TTGTGGcAAA ATTCCATAAA CATATGCTAA ACCAACGATA 300  
 CCAACTAATA AAAACGCTAA AATTGAACCC ATAGCAATTA ACGTTTTTCAC AGCATTTTTA 360  
 50 GCACTTGGCT CTCTAAAATT GGTACCgCA TTTGAAATAG CTTCAACACC CGTTAACGAT 420  
 GAAGCCCCTG ATGAAAATGC TTTTAATaSc AAGAATAATG TTACTCCAGG AACCgCAGTT 480

AATATTAATA TCACTAACCC TATAATGAAA AGATATACTG GATAGGATAA TACGGTGGCA 600  
 GATTGAGTTA AACCACGTAA ATTTAATATT AAAATAAAAA GTACAAGTAW ACATGCAATC 660  
 5 AGTtCkTTAT GCCCATATAA ACTTGGGAAT GCAGCAACAA ATGCATCAGC ACCAGATGAT 720  
 ATmCTAACAG CGACAGTCAG TATGTAATCG ACTAATAATG AGCCTCCTGC AAGCAATCCC 780  
 10 CATTTTTCTC CTAAATGGT CTTGGACACC ATATACGCGC CGCCACCTTT AGGATATGCA 840  
 TAAATAATTT GCCTATAAGA CATAATTAAA GCAGCTAATA AGATCAGAAC AGCACCTGCA 900  
 ATCGGTAAAG TATACCAAGT TGCAACTGCA CCCACTACTG ATAGTGTAAT CAGTATTTGT 960  
 15 TCGGGACCGT AAGCCACTGA AGATAATGCA TCCGACGAAA GAATCGCTAA CCCTTTAAAC 1020  
 TTCGATATCT TTTCGTCTTT TAGTTCTCTG TTTTTTTTAG GTTGCCCTAT AATAAGtCTT 1080  
 TTAAATTGAT kGACATAAtC TCCTATTCCT TTTTATAGTT TmGATGGAA ATCAC 1135

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 513:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 918 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 25 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 513:

30 TTATGGTAAA ACTTTAACAC AAGCATTACA TAAATCGCAA TCATTATGT GGCAAAAACG 60  
 TTGAATTAA GCCATTTCTA TTCATTTTAC GTAATTATTA GCCGTATATG TGTAATAATA 120  
 35 CACATTTTAT TCAGATTTTT TATCGCGCTC CATTAATCT TTTACGCATT CTTTTACTGA 180  
 GATATTTTCA AATAATACTC TATATAATGC ATTTGTAATT GGCATATCCA CTTTTTTTTC 240  
 TTTAGCTAAA TGATAAACTG ATTTAGTTGT ATAAATACCT TCAACAACCA TATTCATTTT 300  
 40 AGATAATGCT TGATCCATTG ATTCACCTTG TCCAAGTTTA TATCCTAATG TGAAATTCCG 360  
 AGAATGTGTT GATGTGCAAG TAACGATTAA GTCACCGATA CCACCTAAAC CTAGAAATGT 420  
 CATAGGATCG GCACCTAACT TTTACCTAA TCTACTAATT TCCGCTAAGC CACGAGTCAT 480  
 45 TAATGCAGCT TTTGCATTAT CACCGTAGCC AATTCCAGCT ACGATACCAC TTGCTACTGC 540  
 GATGATATTT TTCAATGCAC CACCAAGTTC AACACCAATC AAGTCATCAT TCGTGACAC 600  
 50 ACGCAAATAA TCATTCATAA ATAAATCTTG CGTTAATTTA CTTACACTTT TATCTTTTGA 660  
 TGAAGCAGCA ACTGTAGTTG GTTGCTTGAC TACAACCTCT TCCGCATGAC TTGGCCCTGA 720  
 CAACACGCCA ATACCTGCAT TATATTCAGG TGAAATAGAA TCTTCAATCA TTTCTGACAC 780



CAGCTTATCA TTAATTTGAG AAGCAACTTC TCGCATTGCT TTAGTAGGTA AAGCCATTAA 900  
GTAAATATCT GCAAATTG 918

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 514:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 587 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 514:

CAATACTCGG TATTATAGAT AGTCCTACTA CATTTATATG GGTTTGATC ATTACATTAA 60  
TTGCACATCA ACTTGAAGGT AATATCATT A CACCAAATGT AATGGGTAAA TCTTTAAGTA 120  
TCCATCCTTT AACAAATTATC GTTGTTATTT TAGCAGCAGG AGATTTAGGT GGCTTTACAT 180  
TAGTTCTGAT TGCAGTGCCA TTATATGCTG TACTTAAAAC GGTTGTTAGT AATATTTTCA 240  
AATACCGCCA ACGCATTATT GATAAAGCAA ACAGTAATGT TAAGGACTAA TTCTGTGGAT 300  
GTCCTTTAAG AATATAAGAT ACTATCGCAT CAAAAGTTGA AACTACAGCT TTTGAGGCGA 360  
TTTTTTTGTG CATAAAAAAT CAGTCmAATG AAATATCAAA TAATTTTCCA TCAGTCCGAT 420  
TATTATAAAA GCAAAAAAGC TTTGCTCACA TATATAATAA CGTGAACAAA GCTGTTGAAT 480  
GATATTATTT AATTGCGTGG AATCCGCTAT CTACATGAAT ATTTTCACCT GTAACGCCAC 540  
TTGATAAATC ACTTAATAAG TAAGCCGCAG TTTTACCTAC TTCTACT 587

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 515:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 812 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 515:

GGTTCATTCC AAAAAAGTAC GCGATAATTA GCGAAGAAGA ATTTGAAAAT TTAAATGTTG 60  
TTAAACCAAA TAAAAATAAT GTTTTCTGGT CAGTTATAGG AAGTTCGGTT TTGTTTGGAG 120  
TTACTTTAAG GAAATACATA CATGTTTTTG ATGTTCAATT AGATAAGCTA GTTGTAATGA 180  
TATTGTGTGC TCTCGCTTTA ATTTGTGTTA TAGTTTTTTT TTTAACTTA AATAGAAAGC 240  
TTAAGTTAAA AGTGTGTTGAT ACAAATATTG AAAAAAATAA GAGAGTTATA TAAAwACCAA 300

TTTCAATTAAT TGCCCTTATG ACAATCGAAC CTCAAAATAT AATAATATT ATTATTGGA 420  
 TTATGATGAC AATGCTTTTC TTTTGTGTA ATATGACTTC GATAGGTAAT GAAAAAGTTC 480  
 5 GCGTTATAAT GAAAAATAAT TGATTACATT TAAAATATTC TAAATGTTGT CGACACAATC 540  
 CTTTTAAGAC GCTAGTAGAA TTAAATGAC TTCTAATGTA TATGAAAGTG TATCAATATA 600  
 10 AAACCAATTG AAAAGAAGTG GAGACATTGC TTTGTGAAAC TGAAAATATT AATAAGAATC 660  
 CCAAATATAG AATTATCAAA TACAAAGATG AATATTGAT GATTGATTTA GTAAGTACAT 720  
 GGTTAGCACT CTTTTTCCCA ATGATTAAAT GGCTGATTCC AAAAAAGTAC GTCAAAATCA 780  
 15 GCGAAAAAGA TTTTGAAACT TTAAACATTG TG 812

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 516:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 526 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 516:

GTTCTATTAT TTCTTCCAAT GGTAAATGGAT TTTCGTAAAA TGATTGATAT AAGTTGATAA 60  
 TCTCAATAAC TTTTAATTGA TCTGGAAACA TCGTTTTTTG GAACATTATA CTGCGATTTT 120  
 30 CACTTTGTAA TAACCTGTCT TTATCAAATA TCTCACCAGA ATTAGCATT AATTACCAA 180  
 TTAATATATC AATTAACGTT GACTTTCCAG CACCATTTT TCCAATTAAA GCGATACATT 240  
 35 TACCTTGTTT AATATCGAAC GAAATATTTT TTAGAACACA TCTTTTATTA AATGACTTGT 300  
 TGATATTAGA TATTTGAATC AATTTAATCA CCTCTATTT TTTCTTAATT TAATATTAGT 360  
 AAATTTATTA GATTTAAAT AGAACACTTT GTCATAGATT TGAAATGACA AATGTCATTA 420  
 40 TTAGATkTAC ATAATATATT TATCGTtATT TTAATTTTGG GCAAAATAAA AAGAGCCTCT 480  
 ATAATCGrGc TCCTTACAAA TAaATTATAA AAttGGCGAA cTAAAT 526

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 517:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4544 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 517:

	GGAACACCTA AAGAAAGAAA TGATGCATTA AACACAGAGG CTGATATCTA TGTAACCAAT	120
	AAAGAAAATA CTAATGGTT ATGCGATCAA TATAAAAAAG AATGGCCATT TGATATGGTT	180
5	GTAATTGATG AACTGTCTAC ATTTAAAAGT CCTAAGAGTC AAAGGTTTAA ATCTATTAAA	240
	AAGAAATTAC CACTCATTAA TAGATTTATA GGATTAACAG GAACACCTAG CCCAAATAGT	300
10	TTACAGGATT TATGGGCTCA AGTTTATTTG ATAGACAGAG GCGAAAGACT TGAGTCTTCA	360
	TTCAGTCGTT ATCGAGAAAG GTACTTTAAA CCAACACATC AAGTTAGCGA ACATGTTTTT	420
	AACTGGGAGC TAAGAGACGG ATCTGAAGAA AAGATATATG AACGAATAGA AGATATATGT	480
15	TTAAGCATGA AAGCGAAAGA TTATCTAGAT ATGCCTGACA GAGTTGATAC TAAACAAACA	540
	GTAGTCTTAT CTGAAAAAGA AAGAAAAGTA TATGCAGAAT TAGAAAAAAA CTATATTTTA	600
	GAATCGGAAG AAGAAGGAAC AGTTGTAGCT CAGAATGGGG CATCATTAAG TCAAAAATA	660
20	CTTCAACTAT CTAACGGTGC AGTTTATACA GATGATGAAG ATGTAAGACT TATACATGAT	720
	AAGAAGTTAG ATAAGTTAGA GGAAATTATA GAGGAGTCTC AAGGCCAACC AATATTATTG	780
	TTTTATAACT TCaAACATGA TAAAGAAAGA ATACTTCaAA GGTTTAAGGa AGCAACCACA	840
25	TTagAGGATT CAAACTATAA AGAACGTTGG AATAGTGGAG ACATTAAGCT GCTTATAGCA	900
	CATCCAGCAA GTGCAGGGCA TGGATTAAAC TTACAACAAG GTGGGCACAT TATTGTTTGG	960
30	TTTGGACTTA CATGGTCATT GGAATTATAC CAACAAGCAA ATGCAAGATT ATATAGACAA	1020
	GGACAAAATC ATACGACTAT TATTCATCAC ATTATGACCG ATAACACAAT AGATCAAAGA	1080
	GTATATAAAG CTTTACAAAA TAAAGAACTA ACGCAAGAAG AATTGATGAA AGCTATTAAA	1140
35	GCAAGAATAG CTAAGCATAA GTAATGGAGG TATAAGATGG GAAAGGCATC ATACGATATT	1200
	AAGCCAGGTA CATTTAAATA TATTGAGTCA GAGATATATA ACCTACAAGA GAACAAGAAA	1260
	GAGATAAATA GATTGAGAAT GGAGATACTT AACCCAACGA AAGAGCTAGA CACTAACATT	1320
40	GTGTATGGAC CGTTGCAAAA AGGTGAACCA GTTAGAACAA CTGAACTAAT GGCAACAAGG	1380
	TTATTGACTA ATAAGATGTT ACGAAACCTA GAAGAAATGG TCGAAGCAGT TGAAAGTGAA	1440
	TACTTAAAGT TACCTGAAGA TCATAAGAAA GTAATTAGGC TAAAGTATTG GAATAGAGAT	1500
45	AAGAAGCTAA AGATAGAGCA AATAGGAGAT GCATGTCACA TGCATCGTAA TACAGTTACT	1560
	ACTATACGAA AGAACTTTGT TAAAGCGGTA cGwtATCATG CAGGTATCAA ATAACATTGT	1620
50	GCAAAGATTG TGCAAAAGGC CTACAAATCT GTAGTAATAT GATAGTATCG GAAAGATGTA	1680
	TAAAGTTATC TAAAAGTTAT ACGACACAAG TACACGAGGC ACATCGCTAT GCGtGTGTCT	1740
55	TTTGTTATGC AATCAAAGAG GTGTAAGAGA TGACCAAGCA TAATAACATT TATAAGCATG	1800

	AGATAGCATT	AGATAGGGAT	AATCATCTTT	GTCAAATGTG	TTTACGTGAA	GACATAGTAA	1920
	CAGATGCAAA	CATAGTGCAT	CATATTATTT	ATGTTGATGA	AGATTTTAAT	AAAGCTTTAG	1980
5	ACTTAGATAA	TTTGATGTCA	GTTTGTTATA	GCTGTCATAA	CAAAATTCAT	GCAAATGATA	2040
	ATGACAAAAG	TAATCTTAAG	AAAATTAGAG	TATTAAAAAT	TTAAATAAAA	AAATAATTTA	2100
	TTTTTATAGC	CCCCTACCCA	TCGGCTTAAA	ATGTTTTTTC	GACGGGTACC	GGCGGGGGCC	2160
10	CTTCGCTTGC	AACGCGGATA	AACTTTTATG	AAAGGGGGTC	TTTATATGAA	ATTAACAAAA	2220
	AAACAGCTGA	AAGAATATAT	AGAGGATTAT	AAAAAATCTG	ATGACATATT	AATTAATTTG	2280
15	TATATAGAAA	CGTATGAATT	TTATTGTCGG	TTAAGAGATG	AACTTAAAAA	TAGTGATTTG	2340
	ATGATAGAGC	ATACAAACAA	GGCTGGTGCG	AGCAATATTG	TTAAGAATCC	ATTAAGCATA	2400
	GAACTGACAA	AAACAGTTCA	AACACTAAAT	AACTTACTCA	AGTCTATGGG	TTTAACTGCA	2460
20	GCACAAAGAA	AAAGATAGT	TCAAGAAGAA	GGTGGATTCTG	GTGACTATTA	AAGTTTTTAA	2520
	TGAACCTTCA	CCAAAATAT	TAACAACATG	GTATGCAGAG	CAAGTCACTC	AAGGGAAAAT	2580
	AAAAACAAGC	AAATATGTTA	AAAAAGAATG	TGAGAGACAC	CTTAGATATC	TAGAAAATGG	2640
25	AGGTAAATGG	GTATTTGATG	AAGAATTAGC	GCACCGTCCT	ATTCGATTCA	TAGAAAAGTT	2700
	TTGTAAACCT	TCCAAAGGAT	CTAAACGTCA	ACTTGTATTA	CAACCATGGC	AACATTTTAT	2760
	TATTGGCAGT	TTGTTTGGTT	GGGTTTATAA	AGAAACAAAA	CTGCGCAGGT	TTAmAGAAGC	2820
30	TTTGATATTT	ATGGGGCGAA	AAAATGGTAA	AACAACTACT	ATATCTGGTG	TTGCTAACTA	2880
	TGCTGTTTCT	CAAGATGGAG	AAAACGGCGC	TGAAATCCAT	CTTTTAGCAA	ACGTAATGAA	2940
	ACAAGCTAGG	ATTCTATTTG	ATGAATCTAA	GGCGATGATT	AAAGCTAGCC	CAAAGCTTAG	3000
35	AGAAAATTTT	AGACCTTTGA	GAGATGAAAT	TCATTACGAT	GCAACTATAT	CTAAAATTAT	3060
	GCCACAGGCT	TCAGACAGTG	ATAAGTTGGA	TGTTTAAAT	ACACATATGG	GCATTTTGA	3120
40	TGAAATTCAT	GAATTTAAAG	ATTATAAATT	GATTTTCAGTT	ATAAAAAACT	CAAGAGCGGC	3180
	AAGGTTACAA	CCCCTTCTTA	TCTACATTAC	GACAGCAGGG	TACCAACTAG	ATGGACCACT	3240
	TGTTAATATG	GTAGAAGCGG	GAAGAGACAC	CTTAGATCGA	ATCATCGAAG	ATGAAAGAAC	3300
45	TTTTTACTAT	TTAGCTTCTC	TCGATGATGA	CGATGATATA	AATGATTCGT	CGAATTGGAT	3360
	TAAAGCAAAT	CCTAACCTAG	GTGTTTCTAT	CGATTTAGCT	GAAATGAAAG	AAGAGTGGGA	3420
	AAAGGCTAAG	AGAACACCAG	ATGAACGTGG	AGATTTTATA	ACCAAAAGGT	TTAACATCTT	3480
50	TGCTAATAAT	GATGAGATGA	GTTTATTGA	TTATCCAACA	CTTCAAAAAA	ATAATGACAT	3540
	TATTTCTTCA	GATGAGTTGG	AAGGTAGACC	ATGTACTATA	GGTTATGATT	TATCAGAAAC	3600

55

AACACATTCT TGGATTCTTA AGCATAAAGT TGAATATTCT AACGAAAAGA TACCCTATAT 3720  
 AGAATGGGAA GAAGACGGAT TACTAACAAT ACAAGATAAT CCTTATATAG ACTACCAAGA 3780  
 5 TGTTTTAAAT TGGATAATAA AGATGAATGA GCATTATGTT GTCGAAAAAA TCACTTATGA 3840  
 TAGGGCGAAT GCTTTTAAAT TAAATCAAGA GTTAAAGAAT TATGGCTTTG AAACAGAAGA 3900  
 AACwAGACAA GGGGCTTTGA CCTTGAGCCC TGCaTTGAAG GATCTAAAAG AAATGTTTTT 3960  
 10 AGATGGGAAA ATAATATTTA ATAATAATCC TTTAATGAAA TGGTATATCA ATAATGTTCA 4020  
 GCTGAAACTA GACAGAAATG GGAActGGCT GCCATCTAAA CAAAGCAGAT ATCGTAAAAT 4080  
 15 AGATGGTTTT GCAGCATTTT TAAACACATA TACAGATATT ATGAATAAAG TTGTTTCTGA 4140  
 CAAGGGTGAA GGAAACATAG mATTtATTAG TATTaAGAT ATAATGCGTT AAGGAGGTGA 4200  
 ATGTTATCGC AAAAGAGAAT ATTGTCAAC GCATAAAGAA AAAATTGATA GACAATTGGA 4260  
 20 TTGaTCAGTC AGCTTCTAAG CTTTATGACT TTAGCCCATG GAAAAATAAA TCTTTTTGGG 4320  
 GTGTAATCAA TAATACGCTT GAACTAATG AAACGATATT TTCAGCTATT AChAAGTTAT 4380  
 CTAATTCGAT GGCTAGTTTG CCCTTGAAAA TGTATGAAGA TTATAAAGTA GTTAATACAG 4440  
 25 AAGTATCTGA TThACTTACA GTGTACCGA ATAATTCTCT GAGCAGTTTT GATTTTATTA 4500  
 ATCAAATTGA AACAAATCAGA AATGAAAAAG GTAATGCATA TGTG 4544

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 518:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 881 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 518:

40 CATGGCAGAA TATTGAAGCT GTAAAAAAG GACATGTAAT TTCATATAAA GCAGAAGATT 60  
 ATTGGTTCAC AGATCCTATT ACATTAGAAC ATTTGAGAAG TAAATTAAAA AAAGAAATTT 120  
 TAAATAAAAA ATAATAGAAA TAAGTTGTAA AAATTTTCTT ATGCATTGGT ACTAATGTTT 180  
 45 TTAAGGAGTG ATTAAATGAA GCAACTGGTT GGAATTCCCG AATCAATGTT AATTCCTTTG 240  
 ATAGCTCGAG CAAAAGAGTA CGAAAACGAA AAACCAATAA TAAAAGACGC ACTATCAAAA 300  
 AAAATATTTG ATGGTTTAGA TGATATGTAC AAAAATGTTA CATGTGATGA CATGTCTCAA 360  
 50 ATTGGAATTA GTATACGTAC TGTGATAATA GATTGTGTTA CTAAGAGGCT TATCAAGGAT 420  
 AATAAAGATT TAATCGTGGT CAATATAGGT TGTGGCTTAG ATACAAGGTT TCAAAGATTT 480

ACATTTTTTTA AAGAAAGTAA TAGTTATAAG ATGATATCTA AATCTATGCT AGATTACAGT 600  
 TGGATTGATG ATGTCAAAAA TTATAAATTT TTTAATAGTA AGTCAGATAT ATTGTTTATT 660  
 5 ATTGAAGGTG TATTGatGTA TTTTGATGAG AGTGTAATGA CTCAATTATT GGACACTATT 720  
 ATCAAAAAGA TGGGAGATCA TAATTTGACA TTTGCGATTg AATTTTGCTC aAAAAACAATT 780  
 GCGAATAATA CmaAGAGACA TCAATCGGTA TCCAAGTTAT CCTCACCACC TGTTTTTTAA 840  
 10 TATGGGTACC ATGATTTTana AAAATTGGAT GAnATTTACC C 881

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 519:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3122 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 519:

TGAATaAAAA TATATTAATA GATAAACACA AATGTGTCcA AATACCCCTA GAGGTATTTG 60  
 25 ACnAGTTCCA TCCAAGTGT TAAAATACCC CTACAGGTAT TTTTAGGGAG GTTATTATGA 120  
 AACAAACGG AGAAAaGTTT ATCGATGAAT TTAGTAAAGC AGAATTGGAA AAACTAGCCA 180  
 AGCAAGGGCA ATTAATTGAC GTTAGAACAG AAGAGGAGTA TGCATTAGGA CATATCAATG 240  
 30 GTTCCATACT TCATCCTGTT GATGAGATTG AGTCATTCAA TAAAGAAAAA AATAAACCT 300  
 ATTATGTAAT CTGTAGAAGT GGTAACAGAA GTGCTAATGC TAGTAAATAT TTAGCTAAAC 360  
 AAGGTTATAA CGTTATAAAT CTTGATGGTG GTTATAAAGC TTATGAAGAA GAAAACGATA 420  
 35 GTTATGATAC ACAAGAAGAA TATAAAAGTA TAGAAATTAA AGCAGATCGT AAACAATTTA 480  
 ACTATCGTGG TCTTCAATGT CCAGGGCCAA TTGTAAAAAT TAGTCAAGAA ATGAAGAATA 540  
 40 TTGAAGTAGG TGACCAAATT GAAGTCAAAG TCACAGACCC TGGATTCCCT AGTGACATTA 600  
 AAAGTTGGGT GAAACAAACA AGGCATACTT TAGTTAAGCT TGATGAAAAT AACAAATGGAA 660  
 TTAATGCGAT TATTCAAAAA GAAAAAGCAA AAGATTTAGA TATAAATTAT TCTGCTAAAG 720  
 45 GTACTACAAT TGTATTATTT AGTGGAGAAT TAGACAAAGC TGTAGCAGCG TTGATTATTG 780  
 CAAATGGTGC TAGAGCTGCT GGAAAAGATG TAACTATCTT CTTTACTTTT TGGGGGCTTA 840  
 ATGCATTAAA AAAAGTGCAA ACAGTTAATG TTAAAAAGCA AGGTATTGCA AAAATGTTTG 900  
 50 ATTTAATGTT GCCCAAAAAG AATATACGAA TGCCTCTTTC CAAAATGAAT ATGTTTGTTT 960  
 TAGGAAATAT GATGATGCGC TACGTAATGA AAAAGAAAAA TGTTGATTCA TTACCAACAC 1020

	TCATGGGTAT TCAGAAAGAA GAACTTAGAG ATGAAGTTGA GTACGGTGGT GTAGGCACTT	1140
	ATATTGGTGC TACTGAAAAT GCGAATCATA ATTTATTTAT CTAATTAAAT CTATTAATAA	1200
5	AAGGAGTTGT TATCATGTTT TTTAAACAGT TTTACGATAA TCATTTATCT CAAGCATCAT	1260
	ATTTAGTGGG TTGTCAACGT ACAGGAGAGG CAATAATAAT AGACCCTGTT CGTGATTTAT	1320
10	CGAAATATAT AGAAGTTGCA GATTCTGAAG GTTTAACAAT TACACAAGCT ACAGAAACAC	1380
	ATATTCATGC TGATTTTGCT TCAGGAATTC GTGATGTGGC TAAACGCTTA AATGCAAATA	1440
	TATATGTGTC TGGCGAAGGT GAAGATGCAT TAGGGTATAA AAATATGCCA TCAAAAACAC	1500
15	AATTTGTTAA ACATGGAGAT ATCATTCAAG TAGGCAATGT TAAATTAGAA GTTCTGCATA	1560
	CTCCAGGACA CACGCCTGAA AGTATTAGCT TTTTACTCAC TGATTTAGGT GGTGGTTCAA	1620
	GTGTTCCGAT GGGATTATTT AGTGGTGACT TTATTTTGT TGGTGATATA GGTAGACCTG	1680
20	ATTTAT TAGA AAAATCTGTT CAAATAAAG GTTCTACAGA AATTAGCGCG AAACAAATGT	1740
	ATGAGTCCGT TCAAAATATT AAAAATTAC CAGACTATGT TCAAATCTGG CCGGGTCATG	1800
	GTGCTGGAAG CCCTTGTTGGT AAAGCATTAG GTGCCATACC TATATCTACA ATAGGTTATG	1860
25	AGAAAATTAA TAACTGGGCA TTTAATGAAA TTGATGAGAC TAAATTTATT GAATCATTAA	1920
	CATCAAATCA ACCAGCACCA CCGCATCATT TTGCACAAAT GAAACAAGTT AATCAGTTTG	1980
30	GTATGAATTT ATATCAATCA TATGATGTTT ATCCTAGTTT AGATAATAAG AGAGTAGCAT	2040
	TTGATCTTCG TAGCAAAGAG GCCTTTCACG GTGGCCACAC AAAAGGAACA ATCAATATAC	2100
	CATACAACAA AAACCTTATT AATCAAATTG GTTGGTACTT AGATTTTGAA AAAGATATAG	2160
35	ATGTAATTGG AGATAAATCT ACTGTTGAGA AAGCGAAACA CACTTTACAA TTAATTGGGT	2220
	TTGATAAGGT AGCAGGCTAT CGTTTGCCAA AATCAGGCAT TTCAACCCAG TCCGTTTATA	2280
	GCGCTGATAT GACAGGTAAA GAAGAACATG TATTAGACGT ACGTAATGAT GAAGAGTGGA	2340
40	ATAATGGACA CTTAGATCAA GCAGTTAATA TTCCGCATGG TAAATTATTA AATGAAAATA	2400
	TTCCTTTTAA TAAAGAGGAT AAAATATATG TACATTGTCA GTCAGGTGTT AGAAGTTCAA	2460
	TTGCAGTGGG TATATTGGAA AGCAAAGGTT TTGAAAATGT GGTGAATATT AGAGAAGGCT	2520
45	ATCAAGATTT TCCAGAAATCA TTAAATAAAT TTAAGGATGT GGAAAAATG AATAAGCATT	2580
	ATCAAATTGT TATTATTGGT GGCGGTACAG CAGGTGTTAC CGTAGCATCA AGACTATTAA	2640
	GAAAAAATCA AAACCTTAAAA GAGAAAATAG CAATTATAGA TCCAGCAGAC CATCATTACT	2700
50	ATCAACCATT ATGGACGTTG GTTGGTGCAG GGGTATCTAG TTTGAAAAGT TCTCGTAAAG	2760
	ATATGGAAAG TGTATACCT GAAGGTGCTA ACTGGATAAA ACAGGCTGTT TCAAGTTTTC	2820

55

TAGTAGCTCC AGGATTACAG ATTAATTGGT CTTCAATTAA AGGACTAAAA GAAAATATAG 2940  
 GTAAAAATGG TGTTCGTCT AACTATTCAC CTGACTATGT TAACgAAACT TGGAAACCAA 3000  
 5 TTTCTAATTT TAAACAAGGA AATGCCATTT TTACGCATCC AAACACTCCT ATAAAGTGTG 3060  
 GAGGTGCgCC TATGAAAATT ATGTATTTAG CTGAAGATTA TTTTAGGAAA CATAAAATCC 3120  
 GT 3122

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 520:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3982 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 520:

ATAdAGATAT AdAtAaATAT ATTGAGGTCA AACGATGATA ATTAAAATTT TAACAATTCT 60  
 ATTACTACTT TGTATATTGA GCTATTTGGT TACAAATAGA AAGAAGCCTT TTCTGTTCTT 120  
 25 AAAGACACTC TTTATGGGTG TGGTATTTAT CTTTATAGGA TATATTTAC TGGCAATATC 180  
 TGCCGTAATT ATTTATGGTA TTATTCAATT TATCACAATT GATTTTGGTA GTTTTTTCTT 240  
 AATGGGTATT ATATTGATCT TGATTTCAAG TATATTCCAA TTATTTATAG TTAGATTACT 300  
 30 TTTTAGAAAA AGAATGTCG ATTGACAGA GGTGTGCGT TTAsAsCATT TAATTCAATG 360  
 GTTCTTAGTT TACTTTGCGA TCTATCAAGC AGTAAATGAA AAAATGGACA TTAATGATAT 420  
 TAATATCGAC AATTTCCAAT CTGTCITTTT TGACGTGTCT AATTTGAATT TAGTAATTCT 480  
 35 ACCAACGTTA ATCATTAGCT GGGTCACAAT ATTTAACTAT AGAATGAGAA GTTACAAATA 540  
 AAATCTATGA GATTATACCT TCAGACACCA ACATTCAAAT GGTGTCTTTT TTGTTGTGTG 600  
 40 GTTTTATTTT TGAAATTCGA AAAAGTAGAG GCATGAATTT TTTGACTAGT GTATAAGTGC 660  
 TGATGAGTCA CAAGATAGAT AGCTATATTT TGTCTATATT ATAAAGTGTT TATAGTTAAT 720  
 TAATAATTAG TTAATTTCAA AAGTTGTATA AATAGGATAA CTTAATAAAT GTAAGATAAT 780  
 45 AATTTGGAGG ATAATTAACA TGAAAAATAA ATTGATAGCA AAATCTTTAT TAACATTAGC 840  
 GGCAATAGGT ATTACTACAA CTACAATTGC GTCAACAGCA GATGCGAGCG AAGGATACGG 900  
 TCCAAGAGAA AAGAAACCAG TGAGTATTAA TCACAATATC GTAGAGTACA ATGATGGTAC 960  
 50 TTTTAAATAT CAATCTAGAC CAAAATTTAA CTCAACACCT AAATATATTA AATTCAAACA 1020  
 TGACTATAAT ATTTTAGAAT TTAACGATGG TACATTCGAA TATGGTGCAC GTCCACAATT 1080



	TCAAAATCTT	GTGAGAGAAT	TTGAAAAAAC	ACATACTGTC	AGTGACACACA	GAAAAGCACA	1200
	AAAGGCAGTC	AACTTAGTTT	CGTTTGAATA	CAAAGTGAAG	AAAATGGTCT	TACAAGAGCG	1260
5	AATTGATAAT	GTATTAAAAC	AAGGATTAGT	TAAATAAAAC	TTCAATCGTT	GCTGTTATCT	1320
	GGAAATAATT	AATTAAATGT	TATGTTAATT	TTTGTTAATG	AAAAAAGTAA	TCTATTTAAT	1380
	GACAGGTAA	TGTAATTGTC	CTGAAATTGA	CTATATACTC	AGTAAGTATC	AATTTTAAGG	1440
10	AGAGCTTATA	ATGAAATTTA	AAAAATATAT	ATTAACAGGa	ACATTAGCAT	TACTTTTATC	1500
	ATCAACTGGG	ATAGCAACTA	TAGAAGGGAA	TAAAGCAGAT	GCAAGTAGTC	TGGACAAATA	1560
15	TTTAACTGAa	aGTCAGTTTC	ATGATAAACG	CATAGCAGAA	GAATTAAGAA	CTTTACTTAA	1620
	CAAATCGAAT	GTATATGCAT	TAGCTGCAGG	AAGCTTAAAT	CCATATTATA	AACGTACGAT	1680
	TATGATGAAT	GAATATAGAG	CTAAAGCGGC	ACTTAAGAAA	AATGATTTTCG	TATCAATGGC	1740
20	TGATGCTAAA	GTTGCATTAG	AAAAATATA	CAAAGAAATT	GATGAAATTA	TAAATAGATA	1800
	ATAAATAAAA	CAGGTTGAGA	CAAAAAATGG	TCTTAACCTG	TTTTCAATTT	GCATATGTGA	1860
	TAAATTCTAT	ATCAAAATGC	TTATGTATAA	TGAATGACAT	TTAAAAGTAG	GGGAGACAAA	1920
25	TATAAATACA	ATAGTTCCTA	GGATTACTCT	CAAAATAACT	ATATCAATTA	TTTACTTTGC	1980
	TCTCCTATTT	TTTAAATAT	GTACATGTTT	AAACAATCAA	AAGTGTACAA	TATTAAATTA	2040
	TCATTTCCAG	TTCTAGTGCT	ATATTGGTAG	TAGTTGACTA	AATGAAAATA	AGCTTATAAC	2100
30	AAGTTTTTTC	AATACTCGTG	GGGCCACAAC	AGAGAGAAAT	AGGATCACCA	ATTCCAACAG	2160
	ACAATGCAAG	TTGGCGGGGC	CCCAACATAG	AGAAATTGGA	TCACCAATTT	CAACAGACAA	2220
35	TGCAAGTTGG	GGTGGGGCCC	AACACAGAAG	CTGGCGAAAA	GTCAGCATAC	AAAAATGTGC	2280
	AAGTTGGCGG	GGCCACAACA	GAGAGAAATA	GGATCACCAA	TTCCAACAAA	CAATGCAAGT	2340
	TGGCGGGGGC	CCCAACATAG	AAGCTGGCGA	AAAGTCAGCT	TACAAAAATG	TGCAAGTTGG	2400
40	CGGGGCCCCA	ACATAGAGAA	ATTGGAACCC	CAATTTCTAC	AGACAATGCA	AGTTGGGGTA	2460
	GGACATCGAT	AAAGAAATAC	TTTTTCTTTA	GCAATTAGTA	TTTCTTATGC	ATGAGCTTTA	2520
	CTCATGTATT	CATTTTTTAA	GTACaCATTa	GCTACAGCTA	ATGATAAAGA	ACCACTACAT	2580
45	AATAAATCAT	TAGTGGTTCT	TTATCATTTT	TATCTCACTC	TTTTACTGGA	AGAAAAAGTT	2640
	TACGTTTGTA	GAACATGCCA	CAATACCAAA	AATAATTAAG	AAAAATAAGA	CGATAAGCAT	2700
	GATGACACTT	TTCAAACAAC	CTCTATCAGT	TTCTTTTCGAT	TTTCTTTGTT	GAACCTTTTT	2760
50	ATAATCTTCA	AGTAGTTTTG	CGGCTTTTTT	ATTTATATGT	TTATTCATGA	TGTTGACTCC	2820
	TTATAATATA	TGTTTAATTC	ATTAAAATAG	TTGAAAACAT	GACTTGAAAT	AAAGATATAA	2880

55

AATTTGATGA TGATATTTGC TTTTATTTT CCAAATGGAA TTTACTTAAA CTGATGCATT 3000  
 AAAATATTAA TGAAGCACTA GAATACATAA ATGAATAGTa ATGGTGcACA GTATAGAATA 3060  
 5 ATTAAGGCTA TATTAAGTAT AAATATCGTT AACTGTAAGC TATCTTTAGT TTTAATATAA 3120  
 ACTATTAGGA TAATCGACGT AAGAAGAATC ATATATATTA ATGATGAAGA AGTCCATACA 3180  
 AAATCCGCAT CATTTGTTGT TAATAATGGG ACTATAATTA ATCCGAAATT AATCATGCAT 3240  
 10 GCTATATATA CTATAATGTT ATACACAATG TTAATTTTTG TTCACCACCT TATACTTCTA 3300  
 TTTTAAAAAC TTCTTTATAA TGATATATTG TTTAATGTTG AAATAATTAG ATTATCTAAT 3360  
 TTTCAATTGC TTTACATGTA AAAGGCTATA TATAGTATGC TCTTTATGAT TCTAAATGCT 3420  
 15 TTTTAATATT TAATGCTCAT CAACATTGCG ATTTTGAATA TTCAATTCAA AAACTTTATT 3480  
 AGCTACGTCA ATTGTAAAT CAGAACCATA GTTGACATGA GCTACTTTTA ATTTTCCATC 3540  
 TAAATAATAG ATTGCGATTG CAACATCGTA AAATTCGTCA ATGACAAATA AACTCTTTTC 3600  
 20 GTTTGTTACA ACCTCATGCT CTCCTGAGTA TACAACGTTA ATTTCCCAAT CATTAAAAAC 3660  
 CATTTGTTAA CCTCCTTGAA CATTTAAATT GATTCAACTT AAGTTTAACT TATTCATACA 3720  
 ACTTCGTACA ATATCTAGAT GAACATTAAT TGTATTTCTA GAAATCTTTT TCAATTATAT 3780  
 25 GTACTAATTA TACTTTTAAA TTTCTTATTT CAGTATAGTT TTAAAACGAT TTTAAAATAA 3840  
 TTCTGCAAAT ATATTAACAC ATAATGTGTT CAAAAAGTTT TGAACAATTT CAAAACTTTT 3900  
 30 ATATAAAGGG nTTGACAACA TGGATTCAAA TnTCTTATTT TAAAAATTAC CTCATATAGT 3960  
 GTCATGTTAG CCAATTTTTTA AG 3982

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 521:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1353 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 521:

45 AGCTTGaTG ATTTAAAtG GtCCtTTCCC AaCcTTAGAT AATGAAAGAT tTGATAATCC 60  
 TGAATATAAA GAAGCTATGA AAAAATATcA ACAGAGATTT ATGGCTGmAG ATGAGGCTTT 120  
 GAAGAAATTT TTTAGTGAAG AGAAAAAAT aAAAAATGGA AATACTGATA ATTTAGATTA 180  
 50 TCTAGGATTA TCTCATGAAA GATATGAAAG TGTATTTAAT ACTTTGAAAA AACAAAGTGA 240  
 GGAGTTCTTA AAAGAAATTG AAGATATAAA AAAAGATAAC CCTGAATTGA AAGACTTTAA 300

GTTAGGTAAA ACATTTTATC AAAACTATAG AGATGATGTT GAAAGTTTAT ATAGTAAGTT 420  
 AGATTTAATT ATGGGATATA AAGATGAAGA AAGAGCAAAT AAAAAAGCAG TTAACAAAAG 480  
 5 GATGTTAGAA AATAAAAAAG AAGACTTAGA AACCATAATT GATGAATTTT TTAGTGATAT 540  
 AGATAAAACA AGACCTAATA ATATTCCTGT TTTAGAAGAT GAAAAACAAG AAGAGAAAAA 600  
 TCATAAAAT ATGGCTCAAT TAAATCTGA CACTGAAGCA GCAAAAAGTG ATGAATCAAA 660  
 10 AAGAAGCAAG AGAAGTAAAA GAAGTTTAAA TACTCAAAAT CACAAACCTG CATCTCAAGA 720  
 AGTTTCTGAA CAACAAAAAG CTGAATATGA TAAAAGAGCA GAAGAAAGAA AAGCGAGATT 780  
 TTTGGATAAT CAAAAAATTA AGAAAACACC TGTAGTGTCA TTAGAATATG ATTTTGAGCA 840  
 15 TAAACAACGT ATTGACAACG AAAACGACAA GAAACTTGTG GTTCTGCAC CAACAAAGAA 900  
 ACCAACATCA CCGACTACAT ATACTGAAAC AACGACACAG GTACCAATGC CTACAGTTGA 960  
 20 GCGTCAAAC CAGCAACAAA TTATTATATA TGCACCAAAA CAATTGGCTG GATTAAATGG 1020  
 TGAAAGTCAT GATTTACAAA CAACGCATCA ATCACCAACA ACTTCAAATC ACACGCATAA 1080  
 TAATGTTGTT GAATTTGAAG AAACGTCTGC TTTACCTGGT AGAAAATCAG GATCACTGGT 1140  
 25 TGGTATAAGT CAAATTGATT CTCTCATCT AACTGAACGT GAGAAGCGTG TAATTAAGCG 1200  
 TGAACACGTT AGAGAAGCTC AAAAGTTAGT TGATAATTAT AAAGATACAC ATAGTTATAA 1260  
 AGACCGAATA AATGCACAAC AAAAGTAAA TACTTTAAGT GAAGGTCATC AAAAACGTTT 1320  
 30 TAATAAACAA ATCAATAAAG TATATAATGG GCA 1353

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 522:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1987 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 522:

GTCTGAGTCA GGTGCTGTTT GGTTAGATGC TGAAAAACA AGTCCTTATG AATTTTATCA 60  
 45 ATTCTGGATT AATCAATCAG ACGAAGATGT AATTAAATTC TTAAATACT TTAATTTCTT 120  
 AGGAAAAGAA GAAATTGATC GCTTAGAACA ATCTAAAAAT GAAGCACC GC ATTTACGTGA 180  
 AGCTCAAAAA ACATTAGCTG AAGAAGTAAC TAAATTTATT CATGGTGAAG ATGCATTAAA 240  
 50 TGATGCAATC CGTATTTTAC AAGCATTATT TAGTGGTGAT TTAAATCAT TATCAGCGAA 300  
 AGAATTAAAA GATGGATTTA AAGATGTGCC TCAAGTGACA TTATCAAATG ACACAACAAA 360

TGTTAACAAT GGTGCGATTT ATATTAATGG TGAGAGACAA CAAGATGTTA ATTATGCTTT 480  
 AGCACCAGAA GATAAAATTG ATGGCGAATT TACGATTATT CGTCGCGGTA AGAAAAAATA 540  
 5 CTTTCATGGT AACTATCAAT AAATATAATT GCATAGCTAA ATAAATTAGA GCCTACTCAT 600  
 ATTCATTCTT AAGAATGTAA TGAGTAGGCT CTTAATGTAC TTTTCTGTCT GTAAATTATC 660  
 TAAAGAAATC TCTATCGCCT TGGCCAGGTG ATTGACGTTT TGATCGGCTT TGACGTTTTG 720  
 10 GTTGTCTCTT TTGTTGTTTT AATTTCACTT TAACCTCTTT TGTTTTACCA TCACGGATAA 780  
 CGGTAACAGT GACTGATTCA CCAGGTTTTT TATTTTCATA TAAATAGCTT CTTAAATCAA 840  
 CATCATCTTT AATTTTCTTG CCATCAATTT CTGTAATAAT ATCACCTTTT TTAAGATCAA 900  
 15 TATCACTATC AGCTTTGGCG ACATAAATAC CGTCTTCTCT ATCAGTATGA AGTTGCTCGC 960  
 GCTCTTCTTC AGGAATATCT TTCAAATTA TTAACCAAT ACCAATCGAA GGGCGGTCAA 1020  
 TTTTACCATG TTTTACAAGT TGTTCAATG TTACTTTAAC TTCATTACTT GGAATAGCAA 1080  
 20 ACCCGATACC TTCAACTTGT GTCGCAGCAA TTTTCATTGA GTTAATACCA ACTAAATTAC 1140  
 CATTAATATC TACTAATGCG CCACCTGAGT TACCTGGGTT AATAGCAGCA TCTGTTTGAA 1200  
 GAACGCTAAC TTTTGTATTG CCACCAGTTG TCTCAGCGTC AATCGTACGT TCGCTTGCTG 1260  
 25 AAATGATACC AGATGTTACA GAGTTAGCAA ATTGTAATCC TAATGGGTTA CCCATTGCGA 1320  
 ATACGCTATC GCCAGTTTGT ACTTTTGAAG AGTTGGCAA TGAATCGCT TTAATACCTT 1380  
 TTGTATTTTC AATTTTAAGT ACAGCAATAT CAGTTACTGc ATCTTTACCA ACTAATTTG 1440  
 CTTTAACTTG TTTTTTATTA TGTAATTGGA CTCTAATTTT ATTTGCGCCA TCAATAACAT 1500  
 GATTGTTTGT AACGATATAA GCTGAATTGT TGTTTATTTG aTAGATAACA CCTGAACCTA 1560  
 35 CTCCAGCTTC AGATGGTTTA GATGATTTGC CyTTTAATAA GTCGTCTACA CTTGATGCTT 1620  
 TTtGCATGtK AATAACTCCA ACAATTGTAG GGGAGACAGA TTTTATCATT TCATGAACGG 1680  
 TACCGAATTT CTTGCTTTGA CCGTCTAATT GATTGCCACC TTTATTATTT GTTGTCTGAA 1740  
 40 CAGTTGAACC ATCTTTATTT AAAATTGTAC TATTTAATAC TTTGCCTATA CCAAGTACTA 1800  
 GAAGTGCACC AATAATTCCA GCAATCAATG CAACGATGAC TGtTTAAAC CATGGAAATT 1860  
 TAGGTCTTCT GTATCTAGGT GTTGGCTAT GGTGTGTTGT AGAATGATCT GTATGATTAA 1920  
 45 AATCTGACAT ACTTAACCTC CATTATATGA TTTATATATG CTTTAATTAT GTCTTTtTT 1980  
 TATAATT 1987

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 523:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1351 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 523:

	TTAGAAGTCA AATCATTANT GCGTCnTAT CGAGTATACT ATTAAC TTCA ACTATTTTAG	60
10	CAATTGCATA TATTTTAATG TGGTTTAACG GCCATATGAC aCTAACTTTG ACCTTAACGA	120
	CAATAATTAC AAGCTGTTTA ACCTTATTAA TATGTAGTAT TTTTATTAAT CCAC TTATAC	180
	AAAAAATTAA GCAGTTTAAAT ATAAAACTA AGCAATTTGC TAACGGAAAT TACGCAAGCA	240
15	ATGATAAAAC GTTTAATTCA CCAAAAGAAA TTTATGAATT AAATCAATCT TTTAATAAAA	300
	TGGCTTCTGA AATTACGCAA CAAATGAATC AAATTAAATC CGAACAACAA GAAAAACAG	360
	AAC TGATTCA AAAC TTAGCC CATGATTAA AAACACCTTT AGCAAGCATT ATTT CATATT	420
20	CTGAAGGACT ACGTGATGGT ATAATCACTA AGGATCATGA GATTAAAGAG TCATACGACA	480
	TATTAATTAA ACAAGCAAAC AGATTATCAA CATTATT TGA TGATATGACT CATATTATCA	540
	CTTTAAATAC AGGTAAAACA TATCCCCCAG AATTAATACA ACTAGACCAA T TACTTGTAT	600
25	CAATATTGCA ACCATATGAG CAACGTATCA AACATGAAAA CCGCACATTA GAAGTGAATT	660
	TCTGTAACGA AATTGATGCA TTTTATCAAT ATCGAACGCC ACTTGAGCGT ATTTTAACAA	720
	ACTTACTTGA TAATGCGCTA AAATTTTCAA ATGTTGGTAG TCGCATTGAT ATTAATATTA	780
30	GTGAAAACGA AGATCAAGAT ACTATCGACA TTGCTATTAG CGATGAAGGT ATTGGCATT	840
	TACCAGAACT ACAAGAACGT ATATTCGAAC GTACATTCAG AGTAGAAAAC TCTCGTAATA	900
	CAAAAACGGG TGGTTCTGGA TTAGGCTTAT ATATAGCTAA TGAAC TCGCG CAACAAAATA	960
35	ACGCAAAAAT CAGTGTAAGC AGTGATATAG ATGTAGGAAC TACGATGACT GTAACATTAC	1020
	ACAAATTAGA CATTACGTCA TAATCCGATT TATTTATAAA ATAAATGCA AAGACTAAAA	1080
40	AGAAGCTCCC ATTAATGAGG GCTTCTTTTT TTGTTTATTT AGAATAAACT TTATGGGTAT	1140
	CCTTCTCATC ATTTTCAAGA CTGAAAGAT TTGTAGCTTG AATAATATAT TTAGGACGTG	1200
	CCTTAACTTC ATAATATATC CTGCCAATAT ATTCACCTAC AACACCAATT GAAATTAAC	1260
45	GTATGCCGCC TAATAATAAA ATAGCTGCAA TCGTTGAAAA ATATCCCGGA ATATTAACAC	1320
	CAGATATCAT AATATTGATG GAATAAATAG A	1351

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 524:

50

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 433 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double

55

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 524:

5 TTGTTGTCAG TTTAACGCAA CGTGTTACCG ACTTTTCAAG TACACAACAA TATATATGTC 60  
 TATTCCATTT TTAGCCCCcTG CCATTTTCAT CATTGGTGGT ATTATGTTGT TTATTTCAAC 120  
 ATTTAATAGC TTAGATGAAA CTGCTGAAAA TAATAACAAA ATAAAGAAAC TAATGATTAA 180  
 10 AGGACTTATC ATTATTAACA TTTCATTTAT CGTTATGATG GTTTTAACAC CATATTGGTA 240  
 CTTGTATTTA ATCGTCTATC TTATTTTCTT GTTGTTTTTA TTGTGGCAAA AGGTTTATAA 300  
 ATTTTAATAC CAAAACTATT AAACACTTCT GATATTCTTA GTTCAAAATA TCAGAAGTGT 360  
 15 TTTATAGTGT TATCTAGTTC AGATAAATAT TTCCTTACTT AAAAAACGC CCTCCTCTTA 420  
 TTTTGACCCC nAT 433

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 525:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1845 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 525:

30 CCCCCACTAT GATATGCTTG GCCTATTGCG TCAATCCCCT TATATTTTCGG CAATAGAGAT 60  
 GGATGTATAT TCAATATTTT ACCTTCAAAT GAAGCTAATA AGTCTGGACC AATTAGACGC 120  
 ATGTAGCCAG CTAGAATAAT CCACTCTACC TTATCTTCAT TTAATAATGT TACTAAATGT 180  
 35 TGTTCATACG CTGCTTTTGA ATCAAATTGT TTTGGTTCAT TAATATAAAC AGGAATATCG 240  
 TGCTTTTTTTG CTCTATCTAT ACAAACGCA TTTTGATGAT CCGTATATAG CGCCGTAAC 300  
 TCAATATTTT CAAGTTTTTC TGATTCAACA TGCTCAACTA TATTTkCAA GTTACTTCCT 360  
 40 GAACCTGATG CAAAATCGC AATTTTAACC ATTGTTATAC CCCCACAAT TCAATTGCAG 420  
 TTGACTCATT TTTCACAATA TGACCAATTT GATAGGCTTC CACATTTTGT TCTGCTAAAA 480  
 TCTTCAAAGC GCGTGATACA TCTTTTTCAT CAACGATAAC CGTATAGCCA ATACCCATAT 540  
 45 TAAAAATGTT ATACATTTCA TTGTGTCTA TATTGCCTTG TTGTTGTAAC CAATCAAATA 600  
 TTTTGGTGT TGAAATGAT GTAGTATCAA TTCTAGCAGC ATATCCGGCT GGCAATGCAC 660  
 GTGGAATATT TTCATAAAAA CCTCCACCAG TAATATGATT CATTGCCTTA ATAGAACTT 720  
 50 CTTTTTTCAA AGCAAGTACA GGTGTGACAT ATAATTTAGT TGGTTCTAAA AAGACATCGA 780

5 GCACTAAACT GTATCCATTT GAATGAATGC CACTTGACGC AAGCCCTATA ACAACTTGTC 900  
 CCTCTTTCAC TTCTGAACCA TCTACATAGT CATCCTTTTC AACTGCTCCA ACAGCAAATC 960  
 CAGCTACATC ATATTGCGCT TCGTGATACA TTTCACCCAT TTCAGCAGTC TCTCCACCGA 1020  
 TAAGTGCACT ATTCGTTTCA ACACATGCAT CACTAATACC TTTAACAATT TGTTCATAA 1080  
 10 CTTCAGGAAC AACTTTGTTT GTAGCAATGT AATCTAAAAA ATATAATGGT TCTGCACCTG 1140  
 TCGTTAAAT ATCATTAAAC CACATTGCGA CTGCATCGAT ACCTATCGAA TCATGTTTAC 1200  
 CATAGTCGAT AGCTAGTTTT AATTCGTAC CTACTCCGTC TGTTCAGAA ACTAAAACTG 1260  
 15 GCGCTGtCAT ATTTAATTGT GATAAATCAA ATGTAGCACC GAATCCACCT AAACCACCGA 1320  
 TAACTTCTTT ACGCATCGTA CGtTTAAcaw GaCtAGaCaT TctTTctACA GCTTCATAAC 1380  
 CAGCATGAAT ATTTACACCA GATTGTTTAT ATGCTTTAGA CATTTAATTT TCCCTCGCTA 1440  
 20 TCAAAAAAGT GTTTGTTTTT AGAAATATAT TGCTTTTGTC GATGACTTAA ATGCGCTTTA 1500  
 TAATTTGCTT CATAATCATA TAACCCTGCA GGATAATCTC CAGTGAAACT TTCTACACAT 1560  
 AAGCCACTAT ATGGCGCGTC ATAATCTAAA CCAATTGATT CAATTAACCC ATCTACAGAT 1620  
 25 AGATATGCTA ATGAATCAGC GCCAATATAA TCTTTAATTT CTTCAGGTGA TTTGCTTGCA 1680  
 GAAATTAATT CTGCCGTAGT TGAAACATCG ATTCCGTAAA AACTTGGAAT CATAAATTCC 1740  
 GGTGATGCTA TACGCACATG CACTTtATTT GCACCAGAAT CkTTTAACAT TTTACAATG 1800  
 30 CGTCGAATTG TCGTACCGCG nACAATGGAA TCATCAACAA GACTG 1845

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 526:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1141 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

40 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 526:

TCATAAATnG TAAATGTTAA TCGTCATATA ATATTAAATT ACAACACCAT TTTGGTTATT 60  
 45 TGAAGCTTGT GCGCGTTGTT GTGTGCCACC TTGATTTTGA TTTGAGTTTT GATCTGTAGC 120  
 AGGTTGTTGT TGATTGCTGG AmtCACTGTT ATTAGTTGAm TCACTGTTCT CGTTAGATGT 180  
 CITATCTTTA TCTGTCGTAT CATTTTGTTC TTTTCTCAAT AACTATTAT CTAAAGGCGT 240  
 50 TAATGGTATT AATGAACCAT AATGATTAAT GACACGTTGA TCTAAGAAAT CATTTTATC 300  
 ATTAATAGGT GATAATTCTA AGTCTTTACG AAGTAAGTTT GCATATTTT GAATGCTTTC 360

55

AGTTTAAATT TCAACATCAT TTGTTaAGTA CATTTTTGCT AAAGCTTTAA TTTCAGAGTT 480  
 AGTTAAATTA TGCTTTGCAT TTTTACCTAC AATTTGAATC ACGTTATCAA GTTTATCAAT 540  
 5 AGAATCAACT TCCTGTGCTT TTTGGAATAA AATCTTAATT AATTCATTG GACGTTGTCC 600  
 ACGTTTTAAG TCTGAATCAT GATGTCTAGT TCTAGCAACT GCTAAAGCCT CATCACCATT 660  
 10 TAATTTTGG TACCCTTTT TAATTTTAAAT CTTACCAGTA TCATCTGTGT TAGGTTTCATT 720  
 TAAGTCGTAT GGCACATCAT AGTATATGCC ACCAAGCTCA TTTACAGCCT CGACAAATGC 780  
 TTTTCATATTG ACTCTCACAT AATAATCAAC AGGTACATTC ATGGTAGCTT CTACCGAATC 840  
 15 CATTGCGGCA ATTGGACCAC CATATGCATG TGCATGGGTA ATCTTATCGT AATAGCCAAC 900  
 TTTAGGAATG TAGCTGATAG TATCACGTGG AATACTAAGC ATTCTAATTT GATGTTTTGA 960  
 TTGATTAAAA GTAGTTAAAA TCATAGCGTC TGATCTAGAG TGTTCAGCAT CCTGTCCTTT 1020  
 20 TTTTCTTCTT CCATCGTTAT CATCGATACC TAAGAAAAGA ATAGAGATAG GTTGTTCTTC 1080  
 GGGATGACTT TATTATCTCT TAAGTTGGAT TGACGTTAGC ATTTTGTCTG TCTTGAGAAG 1140  
 A 1141

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 527:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1565 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 527:

GCACCATTAG CATTGGGCnC ACTGATTGGA GTAnCAGTTG TTGAAAATTC GGCGCCAACA 60  
 AGTAAACmGG CmCaGGCaGC mATAmCCCCa TATTATAcTT ATAATGGTTA TATTGGTAAT 120  
 40 AATGCTAATT TTATTCTGGA TAAGAATTTT ATTAACGCGA TTAAGTATGA TAATGTGAAA 180  
 TTCAATGGTA TTAAATTAGC TAAACGAAT ACGATAAAAA AAGTAGAGAA ATATGATCAA 240  
 ACTTTTAAAG GTGTTTCTGC AAAAGGAAAC GAAGCAAGTC AATTGCAATT TGTAAGTTAA 300  
 45 AATAATATTT CATTAAAAGA TATCCAAAAA GCTTATGGCA AGGACTTGAA AAAAGAAAAT 360  
 GGTAACAA AGGAAGCTGA TAGCGGTATT TTTTACTATC AAAATGCTAA AAAGACATTA 420  
 GGCATCTGGT TTGTCGTTGA TCATAATAGA GTTGTCGAAG TAACAGTTGG ACATACACCA 480  
 50 TACAAAACAA GTAAATAAAA TAATGGCATA TTAAGGCTAG AGTGTGAGGA GTGATACCGC 540  
 ATTCTAGTCT TTTTATTAA ATAATAACGA TTATTGCGTC TTACATAGTT GTTTGAAATT 600



GATTAAGTAT ATAGAGCACT ATTTTGTATT TGTTAATATT TTCACAAAAA TAAAGCCTTG 720  
 ATAAATTTTA AAATATAATT AAGCTCAATT TTTAAAATTT TATTTAGCTA CAGATAACAT 780  
 5 TTTTAAAAAA GAAAAGAATC AATAAATAAA ATCAACGAAC AAAAAGTATA GAAATAAATA 840  
 GAAATAATCA TTTACTTTTC TGAAAAATTA AATTAATATT TTATTTATAA GCTGTTTTTA 900  
 AGATTTTCAGG AGGAATGAAA TGTGaGGAAT TTTTCAAGAT ATGCATTTAC AAGTATGGCA 960  
 10 GCATTAACCT TGTTGAGCAC TTTATCACCA GCAGCATTAG CGATTGATTC AAAAAATAAA 1020  
 CCAGCTAATT CTGATATTAA ATTTGAGGTG ACTCAAAAGA GTGATGCGGT CAAAGCATT 1080  
 15 AAAGAATTGC CTAAATCCGA AAATGTAAAA AATATTTATC AAGATTACGC TGTACTGAT 1140  
 GTAAAACTG ATAAAAAGG ATTTACGCAT TATACATTGC AACCGAGTGT TGATGGTGTT 1200  
 CATGCACCTG aCAAAGAAGT GAAAGTACAC GCAGACAAAT CAGGAAAAGT CGTTTTAATC 1260  
 20 AATGGGGATA CTGATGCGAA GAAAGTAAAG CCAACGAATA AAGTGACATT AAGTAAAGAT 1320  
 GACGCAGCCG ACAAAGCATT TAAAGCAGTT AAGATTGATA AGAATAAAGC GAAAAATCTT 1380  
 aAAGATAAAG TCATTAAAGA rAACAAAGTT GAAATCGATG GTGACAGTAA TAAATACGTT 1440  
 25 TATAATGTTG AGTTAATTAC AGTGACACCA GAAATTCAC ATTGGAAAGT TAAATTGAT 1500  
 GCTCAAACCTG GCGAAATTTT AGAAAAATG AACTTAGTTA AAGAAGCTGC AGAAACTGGT 1560  
 AAAGG 1565

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 528:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2870 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 35 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 528:

GGATAGGTAA ATCCATTCAA AATTGGTTGT ACTCATTTTA AATCATATTT TTTAATATAG 60  
 AAACACATAA TTAAAGGAGT GATGATATTA ATGAATAAAC TTCGAGACAC TACTTTTCTA 120  
 45 TCATATTTAT TTAATATCAT ATTGTGGGGA TCTGCATTTT CAATGATAAA GATTGCGTTA 180  
 AATGATTTTA GTGCAGAATC ATTGTCGGCA TTTCGTTTAA TTTTAGCAAC AATAATTCTC 240  
 TTGCCGTTTC TAATTATAAA GAAATTGCCT ACCCCTGAAC TAAGAGATAT CCCTGTTATT 300  
 50 TTTATTTTAG GATTTTGTGG ATTTGTGATA TATCACACAG CTTTAAATTT TGGTGAAaCT 360  
 TTGATTAGTG CAGGTATatC TGGrATTcyA GTCTCTACAA CGCCTATTTT TTCTAGTGCT 420

	GCATTTATAG GAATATCCAT TATTTCAATA AGTAAAGATG ATTACACAAC TATTAATGTA	540
	TTAGGTGTTT TTATTATTTT ACTTGCATCT TTTAGTGAAA GTTGTATTT TACTTTCCAG	600
5	AAAAAATACA TAGAAAAATA CGGCTTCATC GCTTTCACAC TATaTACAAT AATGGCAAGC	660
	TCACCATTIA TGCTTATTTT TATTCCTGAA ATCATCAACG ATATACACGG CGCCACTTTT	720
	ACATCAATAG TATCGGTACT TTATTTAGCT ATATTCCCTA CTATAATTCC ATACGTTTTG	780
10	CTTGCTTATA TTGTGAAGTC AGTTGGTGTG TCTGATGCAA CAATGTCTCT TTATTTAACA	840
	CCTATCGTTT CTTTATTATT ATCTTATCTG TTATTAGACG AGCTACCAAC AACCCCTGCT	900
15	ATTATAGGCG GAATTATCAC TCTACTAGGC GTTAGTTTAA GTAACCTCTT TCAAAATACA	960
	TAATTATTCC AAGTCCCGCA CCTCAGAATC CAAAAACATT CGAGTGATAA AATTTTAAAA	1020
	ATCAAAAATA TAAAAATGAT CTAATTTTCGT CAAATTTACC AATATAAATA CTAATATTG	1080
20	CAATTCACAA AGGGGTATAG TCTGAGTGTA TTCTAATACG AAAGGACTTG GTGGATATGT	1140
	ATTACAGTTA TGGAAATTAT GAAGCATTTG CGCGCCCTAA AAAACCTGAA AATGTAGAAA	1200
	ACAAATCCGC TTACTTAATC GGATCTGGTC TAGCTTCACT TGCTGCAGCT TGTTTTTTAA	1260
25	TAAGGGATGG TCAAATGGAA GGTTCGAAGA TTCATATTTT AGAAGAGTTA CCTAAAGCAG	1320
	GTGGTAGTCT TGATGGTGAA AATATGCCTT TAAAAGGCTA TGTTGTCCGC GGTGGTCGTG	1380
	AAATGGAGAA CCACTTTGAA TGTTTGTTGGG ACTTATTCAG ATCTATCCCT TCATTAGAAA	1440
30	TCGATAACGC GTCTGTATTA GATGAGTTCT ATTGGCTAAA CAAAGAAGAC CCTAACTATT	1500
	CTCGCTGTCG TGTTATTGAG AAACAGGGTC AACGTTTAGT CACAGACGGA GACTTCACTT	1560
35	TGACTAAAAC GGCGATTAAA GAAATTTTAG ATTTATGCTT AACGAATGAA GAAGATTTAG	1620
	ATGATGTCAA AATAACAGAT GTATTTTCCG ATGACTTCTT TAATTCAAAC TTTTGGATTT	1680
	ACTGGAAAAC GATGTTTGCA TTTGAACCGT GGCATTCTGC AATGGAAATG CGTCGCTATC	1740
40	TAATGCGATT CGTTCATCAT ATTAGTGGTC TCGCAGACTT TTCAGCTTTA AAATTCACTA	1800
	AATATAATCA ATATGAATCT TTAGTATTAC CTATGGTTGA ATATTTAAAA TCGCATGGGG	1860
	TTCAATTTGA ATACGATGTA AAAGTCGAAG ATATTAAAT AGATGTTACG ACAAGTCAAA	1920
45	AAATTGCCCC AGAAATATTA ATTGACCGTA ATGGTAATGC AGAATCTATT AAAGTACTA	1980
	TAAACGATCT TGTCTTTGTG ACAAACGGTA GTATTACAGA AAGCTCTACT TATGGTGATA	2040
	ATGATACACC AGCGCCACCA ACTGACGAAT TAGGTGGTAG TTGGACACTA TGGAAAAATT	2100
50	TAGCGCGACA AAGTCCTGAA TTTGGTAATC CTGATAAGTT TTGCCAAAAT ATTCCTAAAA	2160
	AAAGTTGGTT TGTTTCAGCA ACTTCTACAA CAAACAATAA AGAGATTATC GATACAATAG	2220

55

TCAATGATTC TGCATGGCAA ATGAGTTTTA CAATCAATCG TCAGCAACAG TTTAAAGACC 2340  
 AACCTGAAAA TGAAATATCT ACATGGATTT ATGCCTTATA TTCAGATGTA AACGGCGATT 2400  
 5 ATATTAAAAA GCCAATTACA GAATGTAGTG GTAATGAAAT ATGCCAAGAA TGGCTGTATC 2460  
 ACTTAGGTGT ATCAACTGAC AAAATTGAAG ACTTAGCAAA ACATGCATCT AATACGATT 2520  
 CTGTTTATAT GCCATATATC ACATCTTATT TCATGACGCG TGCTATCGGC GACAGACCTT 2580  
 10 TAGTCGTCCC GCATCAATCT CAGAACTTAG CATTATTGG TAACTTTGCA GAAACAGAGC 2640  
 GAGACACTGT ATTTACAACA GAATATTCGG TTCGTACTGC CATGGAAGCT GTTTATCAAT 2700  
 15 TACTAAATAT AGATCGTGGT ATTCCAGAAG TCATCAATAG TCCATTTGAT CTTGCGCTCT 2760  
 TAATGGATGC CATATACGAA CTGAATGACC ACCAAGATTT GCGTGAGATT ACTAAAGATT 2820  
 CGAAATGCA AAAACTCGCA TTAGCAGGAT TCCTTAAAAA GATAAAAGGT 2870

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 529:

## (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 3105 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 529:

30 CnGTTTAGCT GCAAAAAGTA AATAACGACA CTGTATTGCG AATTTTGCAA TTAGAAACAC 60  
 TTTTGGGTGA CATTAACTCA ATTTTCAGCG AGATTGAAAG CGAATACAAA ATGTCTAGAG 120  
 AAGAAATTTT AATTTTACTA ACTTTATGGC AAAAAGGTTT TATGACGCTT AAAGAAATGG 180  
 35 ACAGATTTGT TGAAGTTAAA CCGTATAAGC GTACGAGAAC GTATAATAAT TTAGTTGAAT 240  
 TAGAATGGAT TTACAAAGAG CGTCCTGTTG ACGATGAAAG AACAGTTATT ATTCATTCA 300  
 40 ATGAAAAGTT ACAACAAGAG AAAGTAGAGT TGTTGAATTT CATCAGTGAT GCGATTGCAA 360  
 GTAGAGCAAC AGCAATGCAA AATAGTTTAA ACGCAATTAT TGCTGTGTAA GTTTAATAGC 420  
 ATAAAAAGAG GTTTTCATTA AGTTGAAAAC CTCTTTTTGT TGTGGCATT AATTTTTCAA 480  
 45 ATGTTGACTA CTCAATCCTA AATTATAAAT AGTATAGCGC aCAAaTGCTT AAGAAATTTT 540  
 TTCTATGGCA CAAATGAATG GAGCATGATT ACGTTGGTTT AAAAATTGAT ATTGCAAAAC 600  
 TTGCGCATGC TTTTGATCCA AAGTACTCAA GTAATCAAGC AATGCATGCT TCTCAATTG 660  
 50 TCCTTCGCTA TGACCATGAT ATATAACAAG TACAATAATA CCTTCAATTG ACATTAAATGA 720  
 TAGCAATGAA TTAATAGCTT GGATTGTCGT GTCAGGCTTT GTCACGATAG ATTTATCACC 780

	TATATGATGT TCAATATTTT CATGTCCATC TTTTATTAAA GAAACATGAT TGAAATCCTT	900
	AACTTTATCA CGTGATTTTT CCAAAGCTAA ATCTTGAATG TCGAAACCAT AAACATGTCC	960
5	TTCTGGTACT TGTTGGGCTA AAAATAAAGT GTCATTGCCG TTACCGCAAG TTGGGTCTAC	1020
	AACAATACTT TCTGGTGTTA TATGTTGTTT AATAAGTGTT TTTGAAAAAG GGAGTATACG	1080
	TTCTAATTTT ATTGCTTCAC CTTAGACTTG TAACGCAAGC CTTGATAAGA ATTTCTACGT	1140
10	GCTAATTCAG CATCGATGCC ATTTAATACT TCCCATTAT TAACACTCCA CATTGGACCT	1200
	ACCATGATAT CTATTGGACC ATCACC GGTA ATTCGGTGAA CGATCATTTT AGGGGGAATC	1260
15	ACTTCTAATT GGTCCACAAC TAGGTTTGTG TACTCTTCTT GAGTCATAAA AGTTAATAAA	1320
	CCTTTATCGT ATTGTTTAC CATCGGTGTA CCTTTTAAACA AATGAAGTAA ATGAATTTTA	1380
	ATACCTTGTA CATCCATTTG TGCACTTCTT TGGCAGTAGC CATCATCATG TCATAGTCTT	1440
20	CGCCAGGTAA GCCATTAATG ATGTGTGTAC ATACATTGAT ATTATGCTTA CGTAATTTTG	1500
	CCACACCATC ATAATAAGTT TTCATATCAT GGGCACGATT GATTAAATCA GATGTTGACT	1560
	GATGGATTGT TTGTAGTCCT AATTCAACCC ATAAGTATGT TCGTTGATTC AAATCTGCTA	1620
25	AATATTCGAC AACATCGTCT GGTAGACAGT CAGGACGCGT ACCAATAGAT AATCCCACAA	1680
	CACCCGGTTC TTTAAGTACA GGTTCGAATT TTTCTTTTAA TACTTCAACC GGTGCATGTG	1740
	TATTTGTAAA TGCCTGAAAA TAAGCAATAT ATTTTCCTTC GTGCCATTTT TCATGCATCT	1800
30	TTTCTTTAAT TTCTTTAAAT TGTACTGCGA TTGAATCTGC ACGATTACCT GCAAAGTCTC	1860
	CGCTACCTGC AGCAGAACAA AATGTACATC CACCATGTGC TACAGTGCCA TCGCGGTTAG	1920
	GACAGTCAAA CCCGCCATCC AATGCAACTT TAAATATTTT TTGTCCAAAT TTATTTTMTA	1980
35	AATGGTAATT CCATGTGTGA TAACGTTTGT TTTCAAAAGC GTATTGGAAA TGATTGCCCA	2040
	TATGTCATTT TCCTTTCTAT AAAAAAAGAG TTCTAAGTAC AGATTTTAAC ATATTTTAAT	2100
40	GTTATAGTGT TTATTATAGT TTGACAAAAA AGAGAGAGGA ACTATGAAAT ATGAATATAC	2160
	CTAAATCAGT CTGGTGGCTA GTAATTGGCA TGGCGTTAAA TATTACTGGT TCCAGTTTTT	2220
	TGTGGCCTTT AAATACAATT TATATGAAAC AAGAAGTTGG AAAAAGTTTA ACTGTTGCTG	2280
45	GTTTAGTGCT AATGATAAAT TCATTTGGCA TGGTTATTGG AAACCTTATTA GGTGGTTCAC	2340
	TATTTGATAA ATTAGGTGGA TACAAGACGA TTTTAATTGG AACTTTCACT TGTCTTTGTA	2400
	GTACAACGCT ACTTAATTTT TTTCACGGGT GGCCTTGSTA TGCTGTATGG CTTGTAATGT	2460
50	TAGGGTTTGG TGGCGGAATG ATTATTCCTG CGATATACGC TATGGCTGGA GCAGTGTGGC	2520
	CAAATGGCGG AAGACAAACG TTTAATGCGA TATACTTAGC GCAAAATATT GGTGTGGCTG	2580

55

	ATCTTATTAT GTATGTTGTG TTTGCGCTTG TCGCGGTAAC GCAATTTAAT ATTGAAATTA	2700
	ATGCGAAAGT TAAATATCCA ACTCATTTAG ATATTACTGG TAAAAAGAAT AAAGCAAGAT	2760
5	TTATTTCAAT AGTACTAATT TGTGCAATGT TTGCAATTTG TTGGGTTGCA TATATTCAAT	2820
	GGGAGTCTAC AATCGCTTCA TTTACACAAT CTATTAATAT TTCAATGGCA CAATATAGTG	2880
	TTTTATGGAC AATTAACGGA ATAATGATTT TAGTAGCACA ACCATTAATT AAACCGATTG	2940
10	TCTATCTGTT AAAAGGAAAC TTAAAGAAGC AAATGTTTGT CGGCATCATC ATTTTTATGT	3000
	TGTCGTTCTT TGTCACGAGT TTTGCCGAAA ACTTTACAAT ATTTGyTGTC GGTATGATTA	3060
15	TTTTAACTTT TGGAGaATGT TTGTATGGCC AGCAGTTCCA ACTAT	3105

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 530:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 5532 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 530:

	TAATGATTAA ACCAGATGCA GTACAAAGAA ATCTAATTGG TGAAGTAATT TCAAGAATTG	60
	AAAGAAAAGG ACTAAACTT GTCGGTGGTA AATTAATGCA AGTACCAATG GAACTTGCTG	120
30	AAACACATTA TGGTGAACAC CAAGGTAAAC CATTTTATAA TGATTTAATT TCATTTATTA	180
	CATCAGCACC AGTGTTTCGCA ATGGTAGTTG AAGGTGAAGA TGCAGTTAAT GTATCTAGAC	240
35	ATATTATTGG CAGCACCAAT CCTTCAGAAG CTTACCAGG ATCAATTAGA GGTGATTTAG	300
	GTTTAACTGT TGGTAGAAAT ATCATTACAG GTTCAGATTG ATTAGAGTCT GCTGAACGTG	360
	AAATTAATCT ATGGTTTAAT GAAAATGAAA TTACTAGCTA TGCTTCACCA CGTGATGCAT	420
40	GGTTATATGA ATAAAATATA AACTGTAAAC CTTTACGATT TATTTATAAA GGTAGAAAGG	480
	GTTTTGTTAT GTGGTTAGTC ATTATGaTTA TACATAACAA GGCCCGTTTT TTATGTTGTA	540
	GTAAATTACT TGAAAAATTT TATAGTTTTT kGGTAACACG TAtTaAAAAaG AGAGGAATAT	600
45	TCTTTATCAA ATGAAACTAA ACAGAGAGAA GGGGTTGTTA AAATGAAGAA TATTATTTTCG	660
	ATTATTTkGG GGATTTTAAT GTTCTTAAAA TTAATGGAAT TACTATATGG TGCTATATTT	720
	TTAGATAAAC CACTTAATCC TATAACAAAA ATTATTTTTA TACTGACTCT CATTTATATT	780
50	TTTTATGTAT TAGTAAAAGA ATTGATTATA TTTTtgAGT CAAAGTATAA CAAAAGCGCT	840
	TAACATATGT ATATTTTAAT ATCATAATTT TTTTAAACGG ACTGATTAAC TTTATTAATA	900

	GATACGATTA TATTAAAACG GCTAATCATT TTTAATTAAT GATTATATGA TGCAACTGTT	1020
	TAGAAATTCA TGATACTTTT CTACAGACGA ATATATTATA ATTAATTTTA GTTCGTTTAA	1080
5	TATTAAGATA ATTCTGACAT TTAAAATGAG ATGTCATCCA TTTCTTAAT TGAGCTTGAA	1140
	AACAAACATT TATGAATGCA CAATGAATAT GATAAGATTA ACAACATATT ATAATGTTAT	1200
	CGTGGAAGTA TGAAAGGAGC GAGTGTGTAT GAGATACCTA ACATCAGGAG AATCACATGG	1260
10	ACCTCAATTA ACAGTTATTG TTGAAGGTGT ACCTGCAAAT ATAGAAATTA AGGTTGAGGA	1320
	TATTAATAAA GAAATGTTTA AGCGTCAAGG CGGTTACGGA CGTGACGTC GTATGCAAAT	1380
15	TGAGAAAGAT ACAGTAGAAA TAGTATCAGG CGTTAGAAAT GGTATACAT TAGGTAGTCC	1440
	AATTACTATG GTTGTAACCA ATGATGACTT TACGCATTGG AGAAAAATTA TGGGAGCAGC	1500
	TCCAATAAGT GAAGAAGAAC GTGAAAATAT GAAACGTACT ATTACAAAAC CAAGACCTGG	1560
20	TCATGCAGAT TTGGTTGGAG GTATGAAATA TAATCATCGT GATTTACGAA ATGTGCTAGA	1620
	GCGATCATCT GCTAGAGAAA CAGCAGCTCG AGTTGCAGTC GGTGCCTTAT GTAAAGTGTT	1680
	ATTACAACAG TTAGATATCG ATATATACAG TCGTGTGTGTT GAAATAGGTG GAATTAAAGA	1740
25	TAAAGATTTT TATGATTCAG AAACATTTAA AGCAAATCTT GATCGTAATG ATGTTCGTGT	1800
	AATTGATGAC AGTATCGCAC AAGCAATGCG AGATAAAATT GACGAAGCTA AAAATGAAGG	1860
	AGATTCAATT GGCGGTGTCG TTCAAGTTGT AGTTGAAAAT ATGCCTGTTG GTGTAGGTAG	1920
30	TTATGTGCAT TATGATCGTA AGTTAGATGG TAAGATTGCA CAAGGTGTTG TCAGCATAAA	1980
	TGCTTTTAAA GGTGTAAGCT TTGGTGAAGG ATTTAAAGCA GCTGAAAAGC CAGGTAGTGA	2040
35	GATTCAAGAT GAAATTCTAT ATAATAGTGA AATTGGTTAT TATCGTGGAT CTAATCACTT	2100
	AGGTGGTTTA GAAGGCGGTA TGTCAAATGG AATGCCAATT ATCGTTAATG GTGTAATGAA	2160
	ACCAATTCCA ACGTTATATA AACCATTAAA TTCAGTAGAC ATTAATACTA AAGAAGACTT	2220
40	TAAAGCAACA ATTGAACGTT CTGATAGTTG TGCTGTTCTT GCAGCAAGTA TCGTCTGCGA	2280
	ACATGTCGTA GCATTTGAAA TAGCAAAAGC ATTATTGGAA GAATTCCAAT CAAATCATAT	2340
	TGAGCAACTT AAACAACAAA TTATTGAGCG CAGACAATTA AATATTGAGT TTAAACAACA	2400
45	AGAACAATTG AGGTGTAATC ATGAAATTAC AAACAACATA CCCTTCAAAT AATTATCCAA	2460
	TATATGTTGA ACACGGTGCA ATTGACCATA TTAGCACGTA TATTGATCAG TTTGATCAAA	2520
	GTTTTATATT AATTGACGAG CATGTAAATC AATATTTTGC TGATAAATTT GATGATATTT	2580
50	TATCATATGA AAATGTACAT AAAGTTATTA TTCCAGCTGG TGAAAAGACG AAAACATTTG	2640
	AGCAATATCA AGAAACATTA GAGTATATTT TATCCCATCA TGTAACCTCGT AATACAGCAA	2700

55

	ACGAGGCGTG	CACTTTATAC	AAGTGCCAAC	GACTATACTA	GCGCATGATT	CTAGTGTTGG	2820
	CGGTAAAGTG	GGTATTAAC	CAAAGCAAGG	TAAAAACCTT	ATCGGTGCAT	TTTATCGTCC	2880
5	AAGTCTGTG	ATTTATGATT	TAGTCTTTTT	AAAGACGTTA	CCATTTGAGC	AAATATTAAG	2940
	TGGCTATGCA	GAAGTTTATA	AGCATGCGTT	ATTGAATGGT	GAATCAGCGA	CGCAAGATAT	3000
	CGAACAGCAC	TTTAAAGATA	GAGAGATATT	ACAGTCATTA	AATGGTATGG	ATAAATATAT	3060
10	TGCTAAAGGT	ATTGAAACGA	AGCTGGATAT	TGTTATTGCA	GATGAAAAAG	AACAAGGTGT	3120
	ACGTAAATTT	TTAAATTTAG	GTCATACATT	TGGTCATGCT	GTTGAATACT	ATCATAAAAT	3180
	ACCTCATGGT	CATGCAGTGA	TGGTTGGCAT	TATCTATCAA	TTTATAGTTG	CGAATGCTTT	3240
15	GTTTGATTCT	AAGCATGATA	TTAATCATT	TATTCAATAT	TTAATACAAC	TCGGCTATCC	3300
	TTTAGACATG	ATAACTGACT	TGGATTTTGA	AACGTTATAC	CAATATATGC	TAAGTGATAA	3360
20	AAAGAATGAT	AAGCAAGGTG	TACAAATGGT	CTTGATTAGA	CAATTTGGAG	ATATCGTTGT	3420
	ACAACATGTT	GATCAACTAA	CATTACAACA	TGCATGTGAA	CAATTAAAAA	CATATTTTAA	3480
	GTAGGTGAAT	GAAATGGTAA	ATGAACAAAT	CATTGATATT	TCAGGTCCGT	TAAAGGGCGA	3540
25	AATAGAAGTG	CCGGGCGATA	AGTCAATGAC	ACACCGTGCA	ATCATGTTGG	CGTCGCTAGC	3600
	TGAAGGTGTA	TCTACTATAT	ATAAGCCACT	ACTTGCGGAA	GATTGTCGTC	GTACGATGGA	3660
	CATTTTCCGA	CTGTTAGGTG	TAGAAATCAA	AGAAGATGAT	GAAAAATTAG	TTGTGACTTC	3720
30	CCCAGGATAT	CAATCTTTTA	ACACGCCACA	TCAAGTATTG	TATACAGGTA	ATTCTGGTAC	3780
	GACAACACGA	TTATTGGCAG	GTTTGTTAAG	TGGTTTAGGT	ATTGAAAGTG	TTTTGTCTGG	3840
	CGATGTTTCA	ATTGGTAAAA	GGCCAATGGA	TCGTGTCTTG	AGACCATTGA	AACTTATGGA	3900
35	TGCGAATATT	GAAGGTATTG	AAGATAATTA	TACACCATTA	ATTATTAAGC	CATCTGTCAT	3960
	AAAAGGTATA	AATTATCAAA	TGGAAGTTGC	AAGTGCACAA	GTAAAAAGTG	CCATTTTATT	4020
40	TGCAAGTTTG	TTTTCTAAGG	AACCGACCAT	CATTAAAGAA	TTAGATGTAA	GTGAAATCA	4080
	TACTGAGACG	ATGTTCAAAC	ATTTTAATAT	TCCAATTGAA	GCAGAAGGGT	TATCAATTAA	4140
	TACAACCCCT	GAAGCAATTC	GATACATTAA	ACCTGCAGAT	TTTCATGTTT	CTGGCGATAT	4200
45	TTTCATCTGCA	GCGTTCTTTA	TTGTTGCAGC	ACTTATCACA	CCAGGAAGTG	ATGTAACAAT	4260
	TCATAATGTT	GGAATCAATC	CAACACGTTT	AGGTATTATT	GATATTGTTG	AAAAAATGGG	4320
	CGGTAATATC	CAACTTTTCA	ATCAAACAAC	TGGTGCTGAA	CCTACTGCTT	CTATTCGTAT	4380
50	TCAATACACA	CCAATGCTTC	AACCAATAAC	AATCGAAGGA	GAATTAGTTC	CAAAAGCAAT	4440
	TGATGAAGTG	CCTGTAATAG	CATTACTTTG	TACACAAGCA	GTTGGCACGA	GTACAATTAA	4500

55

	AAACTTGTTA GGGTTTGAAT TACAACCAAC TAATGATGGA TTGATTATTC ATCCGTCAGA	4620
	ATTTAAAACA AATGCAACAG TTGATAGTTT AACTGATCAT CGAATAGGAA TGATGCTTGC	4680
5	AGTTGCTTCT CTACTTTCAA GCGAGCCTGT CAAAATCAAA CAATTTGATG CTGTAAATGT	4740
	ATCATTTCCTA GGATTTTAC CAAAACATAA GCTTTTAGAA AATGAGGGAT AATATAAAAT	4800
	GGAAGATATC TATAAATTAA TAGACGATAT CAATCTACAA AACTAGAAA ATTTAGACTC	4860
10	TCGTGTTAAT GAAGCAATAA CTACTGACAA CGATGACGCA TTATTTATTC TAGGAGAGAC	4920
	ACTTTACAAT TTTGGATTAA TGCCaCAAGG TTTGGAAGTA TTCCGCGTGT TATATCACA	4980
15	ATATCCAGAC GAAAGTGAAT TGCTGATTTA TTTTATTGAA GGTTTAATGT CTGAAAATCA	5040
	AACTGACGAA GCGTTAGAAT ATTTAAGTTA TGTGTAACCA TCACCTGAAA AGTTGATGTT	5100
	AGAAGCAGAT TTATATCAAC AAATTAATAT GATGGAAGTT GCTATTGATA AATTACAAGA	5160
20	AGCACTTGAA CTAGAGCCAA ATGATCCAAT AATCCATTTT GCATTGGCTG AAATGTTATA	5220
	TTATGATGGT CAATATTTAC GTGCTACCTC TGAATACGAA ACCGTTTTAG AACTGGTGA	5280
	ATATCAAGTT AATGGTGTA ACTTATTCTC TCGTATGGCA GATTGTAGTT TACAAAGTGG	5340
25	KAACTATAGT GATkCcGATt CgCTTATACG ATGrAATTAA TGAAGATGAA ATGACTTCAG	5400
	AAGATTATCT CAAAAGAGCC ATTTCTnACG ATAAAAATGA CATCACTCAA GAAGCAATTA	5460
	AAATAATGAC TACATTACTT TCTAAAGATC CTGATTATAT TCAaGCTAC TTGTATTTAC	5520
30	aATCaTTATA TG	5532

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 531:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 942 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 531:

	AATTGGGTTA TACTATAGGT AAATTTAAGG AGGTAAGAAA ATGGATAAAA AAGAATTAGC	60
45	GAAATTTATA GGCAATAAAA TCAGATACTA TAGAACCaaa TTGaACTTAA CTCAAGATCa	120
	ACTTGGAGAA AAACtCaCa CTAAAAaRGc TACTATTTCa AATTATGAGA CAGGGTACAG	180
	AACTCCTAAA CAAGATGATT TGTTTGAAAT TGCTCATATT TTAAATATCA GTATCGATGA	240
50	TTTGTTCCT ACAAGAAATA ATAAAAAAA CGACATCACT TCCATATACA ACAAACTCAC	300
	ACCTCCCCGC CAAGAAAACG TACTTAACTA CGCAAATGAG CAATTAGATG AACAGAATAA	360



AACTGGTGCT GGCATAGGAG AAGAATTATA TGATGACATA TTGCATGAAG AAGTATTTTT 480  
 TAAAGAAGAC GAAACGCCAT CAAATGCTGA TTTTGTATT TTAGTTAATG GTGATTCAAT 540  
 5 GGAACCTATG TTAAAACAAG GAACATACGC TTTTATTAAG AAAGAAGATT CTATTAAAGA 600  
 TGGTACAATT GCACTCGTTG TATTAGATGG AGTAAGTCTT ATCAAGCGTG TAGATATATG 660  
 CGAAGACTAT ATTAATTTGG TATCTCTAAA TCCGAAGSTAT GATGATATCA AAGTCGCTTC 720  
 10 GTTTAGTAAT ATTAAAGTAA TGGGCAAAGT TGTATTGTGA TTAATAGCGC CTATATGGCA 780  
 CTTTAATATA AAAGACGTCT ATTTTCAGCAG TGTTTAAAAG GAGTTTATAA TGAAAATAAC 840  
 15 TAATTGCAAA ATAAAAAAG AACTATAGT ATATGAAGTT TTAAGTAGTG GTAATCAACC 900  
 ATTCACTTAT GAGTTACCTA AAGATTTATC GTCACATAAT GC 942

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 532:

- 20 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 417 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 532:

TGGHAAATGC AAACCAAAAT ATGATCCTCG TGCAAGTTGA AGCGGGACGT TATGAAGAAT 60  
 30 GGGTAAAGAA TGGTTATTTT AAACCGTCAG AAGATAAATC AAAAGAAACA TATACAATTG 120  
 TTATCCCGCC ACCAAATGTA ACTGGTAAAT TACATTTAGG ACATGCATGG GATACGACTT 180  
 35 TACAAGATAT CATTACACGT ATGAAACGTA TGCAAGGATA CGATACGTTA TACTTACCAG 240  
 GTATGGATCA TGCTGGTATT GCGACACAGG CAAAGGTAGA AGCTAAATTA AATGAACAAG 300  
 GAATAACTAG ATATGATCTT GGTCGTGAAA AGTTTTTAGA ACAGGCATGG GATTGGAAAG 360  
 40 AAGAGTATGC GTCATTTATT CGTGCGCAAT GGGCTAAATT AGGTCTAGGT TTAGATT 417

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 533:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 733 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 533:

50 GATCCTGAAC CCGCATTTGT TTCCACTAAA ACAGTATGCC CACTTTCTAC TAAAGCGTGC 60

ATTTTCATAC CATCCACCTC CATAATCATC TTAACGCGAA CATTITGAAA GCGCAATCAA 180  
 AAATCCACAA AATTGTAAAG GTTATTACAC TGACTTTTCC GAAAATTGTG GTAAATATA 240  
 5 ATTAAGAAAG AACAAGGAGG CACTTACTAT GATTACTTAC AAAAATATTT TAATCGCAGT 300  
 TGACGGTTCA CATGAAGCGG AATGGGCATT TAACAGAGCA GTTGGTGTG CTAAACGTAA 360  
 CGATGCGAAG TTAACAATTG TGAATGTAAT TGATTCAAGA ACGTATTCTT CTTATGAAGT 420  
 10 TTATGATGCT CAATTTACTG AAAAATCTAA GCATTTTGCA GAAGAATTAT TAAATGGTTA 480  
 TAAAGAAGTA GCTACTAACG CTGGTGTAA AGATGTAGAA ACGCGTCTAG AGTTGGyTC 540  
 15 TCyTAAATCT ATCATTCCTA AAAAGCTTGC ACATGAAATT AATGCAGACT TGATTATGAG 600  
 TGGTACATCA GGCTTAAATG CCGTGGAAG ATTATTGTT GGTTCGTAT CAGAATCTAT 660  
 CGTTCGTCAT GCGCCATGTG ACGTGTAGT TGTTCTGACT GAAGAGTTAC CAGCAGACTT 720  
 20 CCAACCACAA GTT 733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 534:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 6060 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 534:

TGATGATCCT GAAGCGCTAT TGGATAATTA CAACACTGAA GATGTTGATG CACACAATTA 60  
 CAATAATATA AATCATGTTA TTTTGCCTG CGATGCGGGT ATGGGTTCTA GTGCAATGGG 120  
 35 TGCArGCATG TTACGTAATA AATTAAAAA GGCGGGCATT AATGATATTA CAGTTACAAA 180  
 TACTGCGATT AATCAATTGC CAAAAGATGC TCAATTAGTT ATCACTCAGA AAAAATAAC 240  
 40 TGATCGTGCT ATTAAACAAA CACCAAATGC CATCCATATT TCAGTGGATA ATTCCTTAA 300  
 TTCACCAAGA TATGAAGAAC TTTTAAATA TCTAAAAAA GATGATCAAG CATAATAATT 360  
 AAATAAATTA AAAAATGGAG GATACCGCCA TGTTATTGAG TACACGTGAA AAAGAAATGA 420  
 45 TAGCCCTatT GATTAAGTAC CACGGtCAat ATATCACTAT ACACGACATT GCTCAGCAAC 480  
 TTGCGGTGTC CTCTCGTACT ATTCACCGTG AATTAAAAGG TGTTGAAGCA TATTTAACCT 540  
 CATTTTCATT AACTTTAGAA CGCGCAAACA AAAAAGGGcT ACGCATTGCT GGCACAGATT 600  
 50 CTGATTTAAA CGATTGAAG CAATCGATTG CACAACATCA AACCATTGAC TTATCTGTTG 660  
 AAGAGCAGAA AGTAATTATT ATATACGCTT TGATACAAGC CAAGGAGCCA GTTAAACAAT 720

	TAGAGCTTGA	TTTAAATAAG	TACCAACTAT	CTTTATCTCG	AAAGCGTGGC	GAAGGCATTT	840
	ACTTGGTAGG	TACTGAATCA	AAGAAACGTG	AATTTTAAAG	TCAATTAATG	GTGAATAACT	900
5	TAAATAGTAC	TAGCGTTTAT	TCAGTAATTG	AAAATCATT	TGTCTTTCAT	TCATTAAATC	960
	AAATCCACAA	AGACTTTGTT	GACTTAGAGC	GCATTTTAA	TGTTGAAAGA	CtATTaATGG	1020
	ACTACCTAAG	TGCCTTACCC	TACCAACTTA	CCGAATCAAG	TTATTTAAC	TTAACTGTCC	1080
10	ATATCGTGCT	CTCCATTTC	CGTATAAAAA	ATGGAGAGtA	TGTCGCATTA	AACGATGATA	1140
	TTTATGATT	TGTACAAAAC	ACATTTGAAC	ACAAAGTaGc	AAGCGAACTT	GCTGATAAAC	1200
15	TTGGTCAAAT	ATATGACGTC	ACGTTTAATC	AGGCAGAAAT	TGCTTTCATT	ACTATCCATT	1260
	TACGTGGAGC	TAAACGAAAA	AATCTTAATG	ATACATCATT	AAATAATCGT	TGTGAAGAAA	1320
	ACAAAATTAA	AGCGTTTGTT	AACAAAGTAG	AAATGATTTC	CGGTATGACA	TTTGAGATT	1380
20	TGGATACTTT	AGTAGATGGA	CTGACGCTAC	ACCTTAATCC	TGCAATCAAT	CGTTTGCAAG	1440
	CTAATATCGA	GACCTATAAT	CCGTTAACAG	ACATGATTAA	GTTCAAATAT	CCAAGACTAT	1500
	TTGAAAATGT	AAGATTAGCT	TTAAATGATT	GTTGGCCTGA	TTTGATTTTT	CCAGAGAGTG	1560
25	AAATTGCTTT	TATAGTtTTA	CACTTTGGTG	GCTCGATTAA	AAACCAAGGT	AATCGATTTT	1620
	TAAACATATT	AGTCGTTTGC	AGCAGTGGA	TGGGAAGTAG	TCGTCTATTA	TCAACTCGTC	1680
	TAGAGCAAGT	TTTTAGTGAG	ATTGAGCGTA	TTACACAAGC	ATCAGTCAGC	GATTTGAAGT	1740
30	CACTAGATTT	AAGTCAATAT	GATGGCATT	TTTCTACTGT	GAATTTAGAC	ATCGACTCCC	1800
	CCTATTTAAC	GGTAAACCCA	TTATTACCAG	ATAGTGATAT	CAGTTATGTC	GCACAGTTTT	1860
35	TAAATACAAA	GTCTACGTT	CAAGAGACGC	ATGATAAATC	ATCAAACATG	ATTGATAAGG	1920
	ATGATGTTCA	TGTTGAAACG	AAAGATGTTG	ATGGCAACAC	ATCTTTTGAA	AATGAACAAA	1980
	CTTCATACTT	AACTTCAGTT	TTCGAAAAAC	ATTTAAGTGA	CGAAAAATCA	GAACAATTAT	2040
40	TGCATCATAT	GCGTTCGGGT	TTAACTTTGC	TTGATTCACT	GAAAATAGTT	AGTACCGAAG	2100
	TTAAACAGTG	GCAAACATAT	ATCGCAGATT	ATCTATATCA	ATGCGATGTA	ATAAACGATC	2160
	CAACGTCATT	CGCTGAAC	CTAGAGCAAC	GATTGATTGA	CAATCCAGGA	TGGATATTAA	2220
45	GTCCATATCC	TGTTGCAATA	CCACACCTAA	GAGACAATAT	GATTAAACAC	CCTATGATTC	2280
	TAATCACAGT	TTTAGAAGAA	CCGTTAACAT	TGCCTAGTAT	TCAAAATGAC	AATCAAACAA	2340
	TTAAATATAT	GATTTCCATG	TTTATTTCTG	ACAATGATTT	TATGGCATCA	CTGGTAAGTG	2400
50	ACTTGTCGGA	ATTTTAAAGT	TTGAAATTAG	AATCTATTGA	TACTTTTATG	GAAAATCCAC	2460
	AGGAACTTGA	AACATTATTA	AGAAACAAAT	TTTTAGAACG	AATTAAAAAA	CAATTTATTT	2520

55

TAACAGCCAA AATGAAGCAA TTGAAAAAGC AGGTAAAGCC TTAGTTGATA GTGGTGCTGT 2640  
 AACAGATGCT TATATTCAAG CAATGAAAGA TCGTGAGCAA GTCGTATCAA CATTATGGG 2700  
 5 AAATGGCTTA GCAATTCCTC ATGGCACAGA TGAAGCTAAA ACAAATGTGA TTCACTCAGG 2760  
 TTTAACATTA TTACAAATCC CTGAAGGCGT TGAAGGGAT GCGAAGTAG TTAAAGTTGT 2820  
 CGTGGGAATT GCTGGTAAAG ATGGCGAACA TTTAGACTTG TTATCTAAAA TTGCAATTAC 2880  
 10 ATTTAGCGAA GAAGAAAATG TGGATCGTAT CGTTCAAGCA AAATCTGCAG AAGAAATTAA 2940  
 ACAAGTATTC GAGGAGGCAG ATGCATAATG AAAGCAGTTC ACTTTGGTGC TGGAACATA 3000  
 15 GGTCTGGTT TCATTGGTTA TATTCTgCAG ACAACAATGT TAAAGTAACA TTTGCAGACG 3060  
 TCAATGAAGA AATCATTAAAT GCTTTAGCTC ATGATCATCA ATACGATGTT ATTTTAGCTG 3120  
 ATGAGTCTAA AACAACGACG CGCGTGAATA ATGtTGATGC AATTAATTCA ATGCAACCTT 3180  
 20 CTGAAGCGTT GAAACAAGCA ATTCTAGAAG CTGATATTAT TACAACAGCT GTTGGTGTTA 3240  
 ACATACTACC TATTATTGCT AAATCTTTTG CGCCTTTCTT AAAAGAAAAA ACAAACCATG 3300  
 TTAATATTGT TGCTTGTGAG AATGCTATTA TGGCAACTGA TACATTGAAA AAAGCAGTAC 3360  
 25 TTGATATTAC TGGCCCTCTT GGTAACnaTA TTCATTTTGC TAACTCAGCA GTTGATAGAA 3420  
 TTGTACCATT ACAAAGAAT GAAAATATAT TAGACGTTAT GGTGAGCCA TTTTACGAAT 3480  
 GGGTTGTTGA AAAAGATGCA TGGTATGGTC CAGAACTAAA CCATATTAAA TATGTTGATG 3540  
 30 ATTTAACACC ATATATTGAG CGTAAATTAT TAACTGTGAA TACAGGACAT GCATATTTAG 3600  
 CGTATgCTGG tAAATTTGCA GGTAAAGCTA CAGTTTTAGA TGCAGTTGAA GATAGTTCAA 3660  
 TTGAAGCTGG CTTACGCCGT GTTTTAGCTG AAAGTAGTCA ATATATTACT AATGAATTTG 3720  
 35 ATTTTACTGA AGCGGAACAA GCTGGTTATG TTGAAAAAAT AATAGATCGT TTCAACAATT 3780  
 CTTATTTATC TGATGAAGTA ACACGTGTCG GACGAGGTAC ATTACGTAAA ATTGGCCCTA 3840  
 40 AAGATAGAAT TATAAAACCA TTAACATATC TTTATAATAA AGATTTAGAA CGCACTGGTT 3900  
 TATTAAATAC AGCTGCATTG TTATTGAAGT ATGATGATAC AGCAGACCAA GAAACTGTTG 3960  
 AGAAAAATAA TTACATTAAA GAACACGGTT TAAAGCGTT TTTAAGTGAA TATGCTAAAG 4020  
 45 TTGACGATGG CTTAGCCGAT GAAATAATTG AAGCGTACAA TTCACTTTCA TAATTTATTG 4080  
 AGCTTTGTTT GAAACAAGAA GTTTCCAACG TTATTCGTTA ACAATCAGTA ATAATGTAGT 4140  
 AGTTCCCTTG AATTAACAAT ATTAAATTC TGAACATAAA AAATACTCCC TTCAACATAG 4200  
 50 ACACCTAACT TGTGTTATGT ATGAAAGGAG TATTTTTGCG TTAATAATTT GTTTTATTTT 4260  
 CGAGCCACAG CCACCTATTC AATGGCTATT GGTCACTACT AAAACAAATT CATATTAECT 4320

## EP 0 786 519 A2

	TTGAATAAAT TTTATTCTTC AGTTTGTTGG TCTTTCTTAG TGAATCTTCT AATTAAGAAT	4440
	GCCATACCTG CACCTAGAGC TAATTCAGCA TATGGTAAAT CGTCATTATG TGACATACCA	4500
5	GTATCTGGTA AAGTTTTAGC TTGTTGTTTA GCTTTATTAA CTTTTCCTTG TTGAGCTGAT	4560
	TTTGTCTTAG CTTGGTGGTC GTCAGTGTTA GTTACATTAA GCATATCTTG ATTAGCACTA	4620
	TTGCTTCCAT TTGAACTGT AGCTGGAGAT GCATTGGCAC CGTCGTTTGT CGTAGyTTTA	4680
10	TTGTTTGCAG CTGAACCAAC TGATTTTTGC GTATCATTAG TATCTGCTGT TGCCGTATCA	4740
	TCTTTTTGGC TAACATTAGT TGAAGTCATT TTTTCTTTTG CTTCAGAAGA TGCAGATGTT	4800
15	GATGGTTTAT TCGAACTTC AGTATCAGCT TTGCTTGGCG ATTTATCTGC TTCGTTAGAT	4860
	GCAACGTTAG TTTCAGACTT AAGTTGTCCT GCATCAGTTT GATTGTGCGT ACTTTCTTCT	4920
	TTATCTTTTG ATGTATTAGA AGGTACATTT GGTTCGTGTTA TGTCTGCTGA AGGCAATGTT	4980
20	TCAGTTGTtG ATTCAACCAT ACTTTGATTT GTTGAATCAC TACCATCTTT TTCTGCCTTA	5040
	GCTTTATTTT CAGATTTTGG TTGTGCAACC TTGTCATTAG TTGATTGAGA TTCAGCACTA	5100
	TTATTTACTT CAGCATTTTG TTTTGAATCA TTTACAGATG CATTATCTTT GCTATCAGCA	5160
25	GATGATGCTG CTTCTGTGCT CGCAGTTGTT GGAGCCGTTG CTGTTGATCC TGTGTTGCA	5220
	TTCTCGTTTG TTGCTGTAGT TGTACTATTG TTATTTGTTG TGCTTTCTGC TGGCGTTGCA	5280
	TTATCAGTTT CTGTTACAGG TTTATCAGTT GTGCCGTTAT TAGTTGATTC TACTTCTGGT	5340
30	TTACTAGTTA CATCGTTATC CATTGTCGGA CTGTTTGTTG ATGCATCTAC ACTAGAATTG	5400
	TTATTAGCIT GCGGTTTATC ATTTGCATCA TCAGTTGCTG ATGTTGCTGT TGTTCACCT	5460
35	GTTGCCGCAT CACTATTATT TGGTGTTGTC GGAGAAGCGT CTGCTTTGCC ATTAGCTGTC	5520
	GTCTCAGATA CGTTAGGTTG TCCAGTATTT TCTGGTGTTG CATTAGCATT TGAATTTGCT	5580
	GTTGCATCAT TATTATCTAT ACCATTATTA GTATCATTAG CATCTGGATC ATTCTGAGGC	5640
40	ACAATCGCTT CAATTGCAGG TATCGTTACA TTTTGTAATT CAGCAACTTC TGCATTTGTT	5700
	TGTGTTTTAT CTAATTTATC AGCAAATCTG TCAAAATATC TACCTAAATC CGTACGTGCA	5760
	ATTTCTTTTG CCGATGCATC TGCATCTGCA TTTTAAATTA TTTCTATTTG CTTGTAAACC	5820
45	ACTTCTCTGA TTGCTTCCAA AGCATTTTTT TTAAC TTCAG GATTAATACG TTGTGCTTTA	5880
	AGTTGTTCAA GCGCACTATT TTTGACAGTA GCGATTTCTG CATTTGTAGT TTGATCAGAA	5940
	ATATCTTCAG TTGCTTTTGA TAAAATGTCT TCTAAAGCAT TCGTAAACGC TTCTTTTTCT	6000
50	TCAGTTGTAG CATCAGCGTT GACATTTACA CCTGCTTCAA TCTGGTCTAG TGCAGTTTCT	6060

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 535:

55

(A) LENGTH: 977 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 535:

10	AACAAAGCCT TCCAATTATC TGCCTCGGTA GAACAAGTAT TAGCAACTTT ATCACCTACG	60
	CTAAACAGTC CTTACGATT ATACGGCAGC ACAAAAATGC TAGATATTAC ATTTCGATTCA	120
	TTTGAACATG ATGGTACAAC GTACCCTGTC GACTATGCTA CGTTTGAAAA TGATTATGAA	180
15	GATAATAAAG ATCCTGAGTT TAGACGTAAA AGTTTCAAAT CGTTTAGCGA TGGGATTCTGA	240
	AAATATCAGC ATACTACCGC GGCTACATAT AATATGCAAG TACAACAAGA AAAAATTGAA	300
	GCTGATTTAC GTGGATTGTA ATCAGTCATC GATTATTTAT TACATAGTCA AGAAGTAACG	360
20	CGTGATATGT TTGACCGTCA AATCGATATG ATTATGCGTG ACTTGGCACC AGTTATGCAG	420
	AAATATGCTA AACTTTTACA ACGTATTCAC GGATTAGATA ACATGCGTTT TGAAGACTTG	480
	AAGATTTCTG TAGACCCTGA TTATGAACCA GAGATTTCAA TTGAAGACTC AAAAAATTAT	540
25	ATTTTCGGTG CGTTAAGTGT TTTAGGTGAT GACTATACAA ACATGTTACG TGAAGCATAC	600
	GATCAGCGAT GGATTGATTT TGCACAAAAT AAAGGTAAAG ATACAGGCGC ATTTTGTGCA	660
30	AGTCCATACT TTACACATTC ATATGTGTTT ATTTCTTGGA CTGGTAAAAT GGCTGAAGCA	720
	TTTGCTTAG CACATGAATT AGGTCATGCA GGTCATTTTA CATTAGCTCA AAAACATCAA	780
	CCATATCTTG AATCAGAAGC ATCAATGTAC TTTGTTGAAG CCCCTTCTAC AATGAATGAA	840
35	ATGTTGATGG CCAATTATTT ATTTAACACA AGTGATAATC CAAGATTAA GCGTtGGGT	900
	ATTGGCTCAA TTTTATCTAG AACATATTAT CATAATATGG tACCCmTTTA TTAGAAGCnG	960
	CTTATCCACG GGGAGTG	977

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 536:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1440 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 536:

50	AGACAGTGAT yGaATTTTCAT TTACAGTACA CAAATCATCG AAAAATTGGT AACATTCTTC	60
	TCTATTTTCT AACGTTAgwA TTgCATCAAA CAATTCATCT AACGCTGCAC CTCGTAATTT	120

AATCTATTAA AGTGTAGCGa TTTATATTTT ATTAAATCTG AATCGTTACT TTATTTAATT 240  
 TTATGCTAAT CCAGCGCGTT CGAAAATAGT GTCAACTTGa TTCAAATGAT GTTTAGGATC 300  
 5 GAAACATTCA TCCAATTCTT CTTTGTGTTAA AACACTTGTA ATAGACTCAT CTTGTTTCGAT 360  
 TAATTCACGG AACGGTGTTT TCGTTTCCCA AGATATCATC GCTTTTGGTT GTACTTTGTC 420  
 GTATGCTTCT TCACGAACCA TACCTTTATT AATTAATGCT AATAAGACAC GTTGTGAGAA 480  
 10 AATCAGACCA AATGTTTTAT CTATGTTATT ACGCATATTA TCTTCAAATA CAGTTAAACG 540  
 GTCCACAATA TTTGTGAACG ATTCAATGCA TAATCTAGTG CATTGTAAAC ATCTGGTAAC 600  
 ATAATACGCT CAGCAGAAGA ATGAGAAATA TsTCTTTCAT GCCATAATGG CACATTCTCA 660  
 TAAGCTGTAG TAATATAACC ACGAATGACT CTGAAATAC CTGTGATATT TTCAGAACCA 720  
 ATTGGATTTC GTTTATGAGG CATTGCAGAT GAACCTTTTT GGCCTTTTGC AAATGCTTCT 780  
 20 TCAACTTCTC TCGTTTCGGT TTTTGAAGG TTACGTATTT CAACGGCAAA TTTTCTAGT 840  
 GATGTCGCGA TTAATGCTAA TGTCGCAATA TAGTATGCAT GTCGATCGCG TTGCAATGTT 900  
 TGCGTTGATA CAGGCGCTGT GCCAATACCT AAATGTTTAC ACACATAACT TTCTATTTCa 960  
 25 GGAGGAATGT TAGCAAAAGT ACCTACTGCA CCACTCATTT TCCCTACTTC AATTTCTTCT 1020  
 CTTACTTGTT TGAAACGTTG TAAGTTACGT TGCATTTCCG TGTACCACAA TGCCATTTTG 1080  
 ACACCAAATG TAGTTGGTTC TGCATGCACT CCATGTGTAC GTCCCATCAT CAATGTATAT 1140  
 30 TTATAATTTT TTGCTTTTTT AGCTAAAACG TCGATAAATC TTTCTAAATC TTTTTCaATA 1200  
 ATGTCATTIG CTTGTTTAAAT AACGAAACTT AAAGCTGTAT CTACAACATC AGTAGAAGTT 1260  
 AAACCATAAT GTACcACTTA CGTCTTCAC CTAGCGTTTC AGAAACTTGT CTAGTAAAGG 1320  
 35 CTACAACATC ATGGCGCGTT TCTTGTTCAA TTTCTTGTC ACGTTCGACA TTTACCTTTG 1380  
 CGTTTTGACG AATTTTTTGT ACGTCAGCTT TCGGTATATG TCCTAATTCA CTCCATGCTT 1440

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 537:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 784 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 537:

50 GATAAATCTA TnCAGTTTCC GTCCAAATAT CtGCaCCTAA AGCTTTTAAg TGTTCTACAA 60  
 TATCTgTATA ACCTCTATAA ATATGTTTAA CATTGTAAAT TGTAATTACA CCCTCAGCAA 120

	CATGTAATGT TGATGGTTTT ATCGTTGCTG TGCCTTCGTC AACTTCAATA TTTGCACCCA	240
	TGCGCTTTAA TTCTTCAACA TGTTTAAAC GCTCCGGATA AATCGTATCA GTTACAAATG	300
5	AAGGACCATT TGCCATAAAT AATAATGGTG TAATAGGCTG TTGCAAATCA GTAGCAAAC	360
	CTGGATATAC TAGTGTTTTA ATATCAACAA ATTGATATGG CGCATTATTA TTGATGCGAA	420
	TTCTTTTCGTC TCTTACATCA ACATTACAC CTAATTCACT AAATTTAGCA GTTAATGTTT	480
10	CTACATGTTT CGGAACAATA TTATTTAATA TAACATTTTC TCCACATGCT GCAGCGATAC	540
	ACATATATGT GCCTGCTTCA ATTCTATCAG GTATAACTTG ATACTCAGAA CCATGTAATT	600
15	CTTTGACGCC ATTGATTTTA ATTGTTGATG TACCCGCTCC CTTAATATTA GCTCCCATAC	660
	TTGTTAAGAA GTTAGCAACA TCAACTACTT CCGGTTCTTT AGCAGCATT TCAATTACAG	720
	TTTGTCCTGT TGCATAAACT GCAGCTAGCA TAATGtnAAT TGTGACCT ACGCnAACCA	780
20	TATC	784

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 538:

	(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
25	(A) LENGTH: 3733 base pairs
	(B) TYPE: nucleic acid
	(C) STRANDEDNESS: double
	(D) TOPOLOGY: linear

30	(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 538:
----	--

	CAATCTCCAC CAATGACACG TCGTCATTCG TGACCTCATA CCArACAAA AACAGTCTCG	60
	CAATCAAGAC TGTTTTCCAC TCAATATATT CATCCATTAG CGTAATAGAT TATTTGACTT	120
35	CTGTAGCTAC AAAGaTTTTC CGTTTTTCCC AAACGCCTGT cTTTTTCATTG TAATCATCAC	180
	AAGTAATTAA TGTTAATTGT TTATCTTTAC CTTTTTGTTT ATCTAGAACT CCTACATCTG	240
40	TAGGCTTAAC ATCTCTTATA CTTGTCATTT TATACTTACG TGTTTCATTA CCAACTTTAA	300
	AGTACACCAT ACTACCTTTT TTGGCTGCTT TAAGATTTGT AAATTGATAG TTCGGACGGT	360
	CAATGAAAGT GTGTCCTGCA ATTGAAATAT TTTGATCATC TAGTGATTCA TTTTCTTCTG	420
45	CAAAGCTTAC ACCTCTATTT AATTGTTTAC GTGTTGCTGG TCCTGGATAT ACTGGTTCTT	480
	TAATATCAGC ATCTGGAATT TCAATATAGC CTGCCACTTT CGATTTATCT TTCGGAATTT	540
	GAGGTTTAGC TTGCTGCTTT TTATCTTTAC TCGCCTGTTT TTTTACATTT TTATCATATT	600
50	GTTCAATCTT TTCATCTTTA TCTTTATCGT GAAGATAATT ATCGATATGT GGTTTAGCAA	660
	ACAAATATGC TGCCACTAGG aTAAGTACCA CACCAGCGAT TGTCATTAAT CGATTTGTCC	720

55



	AGTATACCAT TAATTTCAAA ATGACTCATA GCAATTCATT TTATACTATA AAATTTACAT	840
	GTATACTTTT ACGTTAGATT TCATTACACA TATTTGCATT CAAATAACGA AACGCTTTTA	900
5	ATAATTACTA AGGGGGAATT GATATGATTA GATACGCTAA AAAAGAGGAT TTAAACGCTA	960
	TATTAGCGAT ATACAATGAT GCCATTATCA ATACTACAGC TGTTTATACT TATGAACCAC	1020
	AAACCATAGA CGAACGTGTC GCATGGTTTG AAACGAAACA ACGTAAGCAT GAGCCTATCT	1080
10	TTGTATTTGA GGAAAATGGA AGTGTCTTAG GGTTCGCGAC GTTCGGTTCA TTTAGACCTT	1140
	GGCCAGCATA CCTATATACA ATCGAACATT CTATTTTATGT CGATGCTTCA GCTAGAGGAA	1200
15	AAGGTATTGC TAGTCAATTA CTACACCATT TAATTGTGGA AGCAAAAGCT AAAGGTTATC	1260
	GTGCGCTAGT TGCAGGCATT GATGCTTCCA ACAAAGCGAG TATTCAGTTG CATCAAAAGT	1320
	TTGCTTTTAA GCATGCCGGC ACACTGACCA ATGTAGGTTT TAAATTTAAT AGATGGTTAG	1380
20	ATTTAGCATT TTACGAATTA GATTTACAAG ACTAGTAATG TTTGAATCAC ATAATATAAA	1440
	CAAGACAACC ATGTTAATTC CCTTAACATA ACAAGCCAAC ATATAAAATT TTAAACTTCT	1500
	CAGGGGAGTG GGACAGAAAT GATAAAGAGC CACTAATGAT TTATTATGTA GTGGTTCTTA	1560
25	CACATTAGCC ACAGCTAATG TGTACTTAAA AATAGGAATA CATGAGTAA ACTCATGCAT	1620
	AAGAAATACT AATTTCTATA GAAAAAGTAT TTCTTTATCG TCGTCCCACC CCAACTCGCA	1680
	CATTATTGTA AGCTGACTTT TCGTCAgCTT cTGTGTTGGG GCCCAAAAAG CTTGTTACAA	1740
30	GCGCATTTTC GTTCAGTCAA CTACTGCCAA TATAACTTTG TAGAGCATAT TACATTGATT	1800
	TACATTGTCC CTTTTATTTA TTCTTTTCAA ATACTATCCC CATAGCTTTG ATTTAACGCT	1860
	TTTTCTCAAT AACAAAACGA ATATAGTAGA ACATGAAAAC GATAATCATG CTGAGCGATA	1920
35	AAGATTTAAA TAATAGATTG ACCCACGTTT CCTCAGTCGT ATATCCATAT GTAATCGTTG	1980
	TGTTAATGAT GAATGCTATA AAGATGATTG ATAGTCTTAG CATATCATCA CTCCTTTTAA	2040
40	GTTATTTTAG ATATACGGGG GCGCTTTTGC AATCACTATT TTGATTAGTA TGCATTTTCC	2100
	ATAAATCTTT CAACTTCTTC AGAGATAATT AAGAAGCATC TATCTGGTAC TAATGATCCA	2160
	GACAGATGCT TCTTTTTTAT CAATATTTTA TTGTTATCTC ATTAATTATT TTTAACCATA	2220
45	TCTTCAGCTG TGCCAAAGAT TTTACGTTTA ATTGCTTCGC CAGTTGGTGT GCCTGCTAGT	2280
	CCACCCAATC CAGTTTCACG TAATGATGCA GGAAGGTTAC GACCAACCTT ATCCATTGCT	2340
	TCAATAACTT CATCAACAGG GATTCTACTT TCAATACCTG CTAATGCTAA ATCTGCTGAA	2400
50	ATTAAGCGT TACCCGAACC AATTGCATTT CTCATAACAC AAGGAATTTT ACAAGTCCG	2460
	GCTACTGGAT CACAACTAA ACCTAATAAA TTACTTATCG CTAATGCCAT AGCGTGCCCCG	2520

55

	GAACCAACTT CAGATTGGCA GCCACCTGTT GCACCAGCTA CACTTGCATT GTTTGCTACG	2640
	ACACGCCCAA ACAATGCTGA AGTGAATAAG AAATCAATCA TTTGCTCTTC TGTTAAATCA	2700
5	TGTGTTTTTT CTAATTAAAA AAGTGCACCG GGAATGGTAC CCGAGGAACC AGCTGTTGGC	2760
	GTtGCACAAA TAATACCCAT CGCAGCATTG ACTTCATTG TTGCAATGGC AcCtTTGcTG	2820
	CGTCAATCAT TTCATATCCA GACAAAGCAT GATGTGTTTC ATTATAATCA CGTAGTTTAG	2880
10	CAGCATCATG ACCAGTGTAG CCCGTTACAC TTTCAACCCC ATCACCTGTC GTCCCTTTGA	2940
	TTACTGCGTC TCGCATGACA TCTAAATTTT GTTTCATTG CGCTCGCACT TCATCACGTG	3000
	ATTTACCGCT TAATTCCATT TCTTCTTTAA CCATGATATC CGCAAATGAC ATATTATTTT	3060
15	CTACGGCATA ATCTATAGTC TCTCTAATTG AATCAAACAT GTTTATTCCC CCTCTAATTT	3120
	ATATAGGAAA CGTTTACGTC ACTGTATTTT TCTTTAATTG TATTTAATGT TGATTCTGAG	3180
20	ATTGCTTTAT TTAATGGTAT TACAACCAAG CATTTATCTT CATCTATCTT AATAAATTCA	3240
	TCTTTACAGT CTAATTTTAT ATCGTTGATA TCATTGATGA AATGATTTAC TTGTGCTTTA	3300
	GTCATATTTT CGTCAACAAC TAAAATTGGT AATCCATGAT TTAAATCTAC TTCTAGTCCA	3360
25	TTTATATGAA TACCTTTAAT TTAAATTGTA CCACCACCGA TTGAAATACC GATAATTTCA	3420
	ATGTAGCGAC CATCATTACG AGATGATTTG ATATAAGCAC AGTTTGGAATG TTGACCAATA	3480
	CTATCGCCTT CTTCCTCGAT GATATCTATT TTAATACCAT CATCAGCTGC AATTCTAAT	3540
30	GAAGATTTAA TTCGGTTATC AAATGTTGAA TATCCCATG CTCCACCCAC AATAGCGACA	3600
	TCTGTACCAT GTCCTTGGTG TGTTTGAGCA AATGATTCAT AATAATGTAT TTCAATATTT	3660
	TTATATCTCC CAATATTGCG CGTGCTGAAT TCCCCTTTAC TGCACCAGCC GTATGAGAAC	3720
35	TTGAAGGGCC CAT	3733

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 539:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 525 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 539:

	TGGCTGTCTT CTCTATGAGT GTAGTAAGTA AGTTAACGGA TTTAACGCCA AGGCAAATAC	60
50	GTTACTATGA AACACATGAA CTCATCAAAC CTGAAAGAAC AGAAGGTCAA AAACGTCTGT	120
	TCTCACTCAA TGATTTGGAA AGATTACTAG AAATTAAATC ATTATTAGAA AAAGGATTTA	180

AAGAGATAAG AAAAAAGATG ATTGTAGATG CCACGCAAAA GCCTATTGGA GA~~r~~ACTTTGC 300  
 CAATAAATCG TGGTGATTTA TCCCGATTTA TTAAATAAAA TTTGGAGGAT TTTAAAATGC 360  
 5 CAAAACGTAC TTTCATAAA GACGACATTC GTAAATTTGC AGAaGAGGAA AaTGTAaGaT 420  
 ATTTAAGATT ACAATTCAC~~T~~ GATATTTTAG GAACAATTAA AAATGTTGAA GTGCCTGTAA 480  
 10 GCCAATTAGA AAAAGTACTT GATAACGAAA TGATGTTTGA CGGTA 525

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 540:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1408 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 540:

TTGATTGCT ACAAAGTATC TnCTCATTTT TGTATCCTGA AAAATCTTTA GTGTAATAAT 60  
 GTTGTTCAGT TTTAATATTT TCAGTCATAG TTGACTACCT CCGTATATTT TGATTTAATT 120  
 25 AAGTTGTATA TTTTGATGAA CACTTATTGT TACTTGTGCG CGCAAGTAGC AGTTTTTTTCA 180  
 TTCTTCATAA AAGTATTCCT TATAGAATAT GAATGTTGCG ATACTTGCGA ATCCTGCAAT 240  
 TGaCCATGCT GtAGTGAAGT ATAGAAACGG CATAAGTACA ATCGCTAAGA CTGTGAAGCA 300  
 30 TAGTACTGCT ACTAGGTAGC TTTTATAAAT GTTACTCATT TTCTTTTTTC AACTCCTCCA 360  
 TTATTCTCTG GTCTGATAAG TCGTGATAAG GGAATTTTTT CCGAGCTAAT TGGACTGGTA 420  
 TTCTGCCTCG TATCGCAATG TATCCTTCAT CTTCAGCTC TTTATTCAGT TCTCTTATTA 480  
 35 TTTGTCTGCT TTTGGATTTA GAAACAGATA AAATTACCgC AAGTTCTTTA GCTTGCAAAC 540  
 TATTTTTTCAT CATATCTTTT CCTCCTTTAA AATAACTGTT GATTCTCTGG GTTATCTGCT 600  
 TCGTAATTAT CTGCAATAAT ACTTTTAGCG AAAAAAGTCCA AACTGACCTT ATATAGGTTG 660  
 40 TTCATAGATT TCTTTACGTT AACCCCTTCC TCAAGTACAT AAGGCACCCT AAAATCATTT 720  
 ATAAACAGTC CGTTTTTCGTC TAAAGTAACG GTTGGTAATT CAGGTTTGTT CCGTCTATAA 780  
 45 ACTTCTCCTA GTGTAGGTTT TTGCTTTTCA GCTTGTTTAG TGAAGTCGGA AAATGCCTTA 840  
 AGTAGTTTTA TTCCTGAATC AGGATCACTG TGTCGCTCAA TCGTTTCTGC TGTAGACTCT 900  
 TTACTAAAAT CATTTCTATT GATTACAGGC TTTCTCGTAT TTCGTTCAAT CTTCCAAACC 960  
 50 TTCCACGTCA CAACTGCCAT TGTGGTGAGG AGGGTTGTTT TGTATAGTGC GTTCATTGTG 1020  
 AATTCCTCCT ATTAAGTTGT TTGTTCAATT GTGTGTGTTA TTCTTCTTCG TCTAAATCAA 1080

CGACTTCGTA AGTGTGCTCA ATCTCGCCTG CATATGTCAC AGTAAGAGTA TCTTTGTGTG 1200  
 TGTATGTTTG ACTTTTGTTT TCTTAACTG CATAAAGTGT TAATACTATA TTGTTTAGCT 1260  
 5 TTYCTTTTGT TTCTGGTGTC ATTTACGCTC CCCCTAATT AGCTCATAA CCGAATTCAG 1320  
 TCATGATTTC ATGTATTTTC AATCTGCCTT TTTGTGTCCA TCTAGTTTGT AAAACTGTGT 1380  
 CTTCTCTGCC ATCAGAACGC ACAATTGT 1408

10 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 541:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 432 base pairs  
 15 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

20 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 541:

GTTTCGTCAAT GATTTTTATC CGATGCTATG AGCATTATCA AATACAAAAT GCTCTCTTAA 60  
 AAGCAGTTAT TGA CTGAAAA TCTACTTCTA AGAGAGCACT TTATTTAATT ACTTAAGAAA 120  
 25 TCTTGAAATT TCAATATACG ATGTTTATGA TAAGTCGCTT ATTCATCTT TAGGCTTGTT 180  
 ATTAGTAAGT AGTTAATAC CACTGATTAA CCATAAGCA AATGTAATTA TGTTACCACT 240  
 TATTACAGCT CCAATAATCA ACAATATACC ACTCATTTTT TTGTTTTTAG ATGCTTTAAA 300  
 30 CATACCGATT GCACCTAAAA TAATTGAAAT GATTCCAAAT ATGAATAGGG ATAAGAATAA 360  
 TACAGTGAAA ATGCTGCTG CTGTTTCTGc ATCAACTGGG nCAACCTCAC CATTAAGTGT 420  
 TGTGGACAC AT 432

35 (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 542:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2426 base pairs  
 40 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 542:

ATAATCATGA AGTnGCTAAA nCGCCAAATA ATGATGGTTC TGGACATGTT GTGTAAATA 60  
 AATTCCTTTC AAATGAAGAG AATCAAAGCC ATAGTAATCG ACTCACTGAT AAATTACaG 120  
 50 GAAGCGATAA AATTAATCAT GCTATGATTG AAAAATTAGC TAAAAGTAAT GCCTCAACGC 180  
 AACATTACAC ATATCATAAA CTGAATACGT TACAATCTTT AGATCAACGT ATTGCAAATA 240

	GTATAAAAAG TCAACGAAAT ATTATTTTGG AAGAACTTGC ACGTACTGAT GATAAAAAGT	360
	ATGCTACACA AAGCATTTTA GAAAGTATAT TTAATAAAGA CGAGGCAGTT AAAATTCTAA	420
5	AAGATATACG TGTGTATGGT AAAACAGATC AACAAATTGC AGATCAAATT ACTCGTCATA	480
	TTGATCAATT ATCTCTGACA ACGAGTGATG ATTTATTAAC GTCATTGATT GATCAATCAC	540
	AAGATAAGTC GCTATTGATT TCTCAAATTT TACAAACGAA ATTAGGAAAA GCTGAAGCAG	600
10	ATAAATTGGC TAAAGATTGG ACGAATAAAG GATTATCAAA TCGCCAAATC GTTGACCAAT	660
	TGAAGAAACA TTTTGCATCA ACTGGCGACA CGTCTTCAGA TGATATATTA AAAGCAATTT	720
15	TGAATAATGC CAAAGATAAA AAACAAGCAA TTGAAACGAT TTTAGCAACA CGTATAGAAA	780
	GACAAAAGGC AAAATTACTG GCAGATTTAA TTTACTAAAT AGTAACAGAT CAAAATAAAA	840
	TTTTTAATTT AGTTAAATCG GCATTGAATG GTAAAGCGGA TGATTTATTG AATTTACAAA	900
20	AGAGACTCAA TCAAACGAAA AAAGATATAG ATTATATTTT ATCACCATA GTAAATCGTC	960
	CAAGTTTACT AGATCGATTG AATAAAAAATG GGAAAACGAC AGATTTAAAT AAGTTAGCAA	1020
	ATTTAATGAA TCAAGGATCA GATTTATTAG ACAGTATTCC AGATATACCC ACACCAAAGC	1080
25	CAGAAAaCGt TAACACTTGG TAAAGGTAAT GGATTGTTAA GTGGATTATT AAATGCTGAT	1140
	GGTAATGTAT CTTTGCCTAA AGCGGGGGAA ACGATAAAAG AACATTGGTT GCCGATATCT	1200
	GTAATGTGTTG GTGCAATGGG TGTACTAATG ATTTGGTTAT CACGACGCAA TAAGTTGAAA	1260
30	AATAAAGCAT AATTATATTG GGGGAAGAGC ATCTATATAT TTTTTTAAGT ATATAAGACG	1320
	TCTTATTTCC CCTTAATTTA TTGTGAAGTA TATGCAAAAT GCAATGAATA GATTGTCCAT	1380
	CATTTTAACG TTATAATGAA TTTAACGACT TAGAACTACA CAAGTAAAGG AGAATGAAGA	1440
35	TGTCTCGAAA AACGGCGCTA TTAGTTTGGG ATATGCAAGA AGGTATAGCG AGTAGTGATC	1500
	CTAGAATAAA AAATATTATT AAAGCGAATC AGAGAGCAAT TGAAGCAGCA AGACAACATC	1560
40	GAATACCAAT CATTTTCATA CGTTTAGTGT TAGATAAGCA TTTTAATGAT GTCTCCTCGA	1620
	GTAATAAAGT GTTTTCAACA ATTAAAGCTC AAGGATATGC GATTACTGAA GCAGATGCAT	1680
	CTACACGAAT ACTTGAAGAT TTAGCACCAC TAGAAGATGA GCCGATTATT TCTAAGCGAC	1740
45	GCTTTAGCGC ATTTACAGGT AGTTACTTGG AAGTTTATTT ACGTGCAAAT GATATTAATC	1800
	ATTTAGTATT AACGGGTGTC TCTACAAGTG GAGCTGTATT GAGCACGGCA TTAGAAAGTG	1860
	TAGATAAAGA CTATTATATT ACTGTTTTAG AAGATGCTGT TGGTGATAGA TCAGATGATA	1920
50	AACATGACTT TATTATTGAA CAAATTTTAT CACGCTCATG TGACATTGAA TCCGTAGAGT	1980
	CATGAAAAG TAGTTTATAG TTAATATAAC GTCAATTAAA GCTCGGCAGT AATGTTTGAG	2040

55

GAGGAACATT TGAACATAAA ATAATATATT TATATAAAAC GACCgAGGCG TTCGAACTGA 2160  
 ATGtCCTCGG GTTTAATTGA ATAGAAATCG GACTTATGAA CGAAATATGT TTAAGTCGAA 2220  
 5 CTCCTTGTTT ATAATTATAA ATTTTACGGG TTTAATATAA TACTTATTTA CCTGTAATAT 2280  
 ATGCATAATT nCTTCAGTCG GTCAGCCTGT CGTTGCATAG TTCCTATGCA GCAAATGCAT 2340  
 ATCCTAATCC TTTAACATTG GCATTnCTGC AAATGAACGC ATAGAATCCA TTCACTGTTA 2400  
 10 ACTTTTTnCA ACAAAATGTCT nACATG 2426

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 543:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1874 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 543:

GAGTTGGGGA ATGTGCTCAA AATATGCGGA CTTTATGCAT TyCGGAATTG sCCaATTGCA 60  
 25 GCTTTAAGCT ATGGTCAAAA AAAGAGGGTC ACTATAGCAT CTGTTTTAGT CTTAAATCCG 120  
 GAAATAATCA TATTGGATGA ACCGACTGCT GGTCAAGATT TCTATCATTa TAATGAGATA 180  
 ATGTCATTTT TAATTGAACT AAACAGACAG GGGaAGACGA TTATTATGAT TACGCATGAT 240  
 30 ATGCATTAT TGTCTGAGTA TAGTTCaAGA ACAGTTGTAT TATCAAAAGG TCAAGTCGTT 300  
 GCTGATACCA CGCCAgTATT GGTTTTAAAT GATAAAAAAA TCTGTGAGAT TGCATCATTG 360  
 AGACAAACAT CGCTATTTGA AATGGCCGAA TATATAGGGA TTAGCGAGCC ACAGAAATTA 420  
 35 GTACAATTAT TTATTAACCA TGATAGGAAG GTGAGACGcC AATGAATCAA TATAATACTA 480  
 TAGGTTTTCA CCCGGGAAAT AGTCGTATTc ATCAATTAAA TGCGACTGTT AAACTTTTAT 540  
 TCTTATTAGT TGTTTCTATT TCTGCAATGG TGACTTATGA CACAAGATAT TTAATTTTAA 600  
 40 TTAGTGCTTC ATCTATTTTA TTGGTCAaAT ATGCTCATAT TGAATGGAAA CAAGTTCGCT 660  
 TTGTTGTTAA ATTCATTCTG TTTTTCACAA TAeTAAATAT TATTGCCGTG TACATATTTG 720  
 45 ACCCTGAATA TGGTGTGAAG ATTTATAATC AGCGTACAGA GTTAGTCAAT GGTATTGGTC 780  
 GATTTACGCT AACATCACAG GAATTATTCT ATCTTTTTTAA TCTAATATTA AAATATATTA 840  
 GTACAGTTCC TTTAGCGTTA ATATTTTTAT TCACAACGAA TCCGAGTCAT TTTGCTGCAA 900  
 50 GTTTAAATCA GCTAGGTGTG AATTATAAAA TCAGTTACGC AGTCTCACTA GCATTAAGGT 960  
 ATATTCCAGA TATTCAAGAA ACATATTtTA ATATTTcACA AGCGCAACAA GCAAGAGGAT 1020

	TACCTTTAAT ATTTTCTAGT ATCGAAAGAA TTGACACTAT TAGTACTGCT ATGGAGTTAA	1140
	GACAATTCGG ACAGTATAAA AGGAGAACCT GGTACGTCAA AAAACAATTA AAAAAAGATG	1200
5	ATTATGTTGT TTTGTGTTTG ACGTTAATAC TTCTGATGTT AGTAGTTACA TTATTCTTTT	1260
	TAAATAATAG TCGATATTTT AACCCGTGGC ATTAGTATTC ATATAAATAG TCTTTAAATA	1320
	GAAATAGGAG GGAGACATTT AATGATAAAT ACTGAAAGAT TAAATTTAAT GATTCCAAGT	1380
10	TCCTCGCATT TAATTGAACT TTATAATATT TGTAGTCATC CACAAGCAAA TATATACACT	1440
	CCCAAAGGTT TACATAATTC CAAATTAGAC ACACAACGGT GGATTGAAAA ATGGCGAAAC	1500
15	CATTGGCAAC AATATCAATT TGGTTACTTT GTATTGGTAA AAAAAATAGA TTGTAGTGTT	1560
	ATTGGTATTT GTGGATATGA ATATCGACAA TTAAAGCAAG AaACAGTATT AAATTTATTT	1620
	TATAAATTAC ATCCAAGTTT TGAAGGACAA GGTACGCAT GTGAGGCTAT TACAGCAATC	1680
20	ACAAATTTTG TGAATTATAT CGATCAAGAA ACAGTAAAAG TTATCAGGAC AAATAAGTGT	1740
	AACCAACGTT CAATAAATTT AGCAGAAAGG CTTAAATTCA AGCGAGACGA TACTATGGAC	1800
	GACATTATCA ATCAAGGAGA TATTGTGTTT TAAaAATAAA ATACTATGAC ATTATCTAAA	1860
25	AAATAAAATT AAAA	1874

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 544:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 5280 base pairs

(B) TYPE: nucleic acid

(C) STRANDEDNESS: double

(D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 544:

	TCAACATTTC TAACACCAAT GTGAAAATGA TCTATGTGAT TTGCAATGGC TTGATTTGTA	60
40	ATATGTGTGC CTAAATGACC TGTAGCACCT GTTAACATAA TATTCATTCA CTTCATCTCC	120
	TAATCTTTAT ATACATAACA TAATACTTAT TTGATGGTTT TCAAAACATT TGATTTTATA	180
45	AAAAATTCTA ATCTGTATTT ATTGTCGACG TGTATAGTAA ATACGTAAAT ATTATTAATG	240
	TTGAAAATGC CGTAATGACG CGTTTTAGTT GATGTGTATC ACTAATATCA TTGAAAATTT	300
	TAATCaGGTA CTACGACAAT ATGATGTCTG TTTTGTGTCT GAAAGTTTTA CAGTTTTTAA	360
50	AATAAAAATG GTATAAAGTG TGATTGTAT AAAAAAGAGT CTCGACGGAT AAGAATTGAT	420
	TAATAACAGT TAGCATTTTA TTAATTACCT TAACAATGAT TCAAGTTTAG TTAAATGAGG	480
55	TTTAATTTGA AAGGGGATAG CGCCTCAATA TAATGTAGGT AGATTGTTCA TATTACGTAA	540

	AAGCAAGTTT AGCATTGGGA ATGTTAGCAA CAGGTGTAAT TACaTCGAAT GTACAATCAG	660
	TACAAGCGAA aGCAGrAGTT AAaCAACAAa GTGAaTCAGA GTTAAAACAC TATTATAATA	720
5	AmCCAATTTT AGAGCGTAAA AATGTGACTG GATTTAAATA TACTGATGAG GGTAAACACT	780
	ATTTAGAAGT CACAGTAGGG CAACAGCATT CTCGAATCAC TTTACTTGGA TCTGATAAAG	840
	ATAAATTTAA AGACGGAGAA AACTCAAATA TAGATGTGTT TATCCTTAGA GAAGGTGACA	900
10	GTAGACAAGC AACAAATTAC TCAATTGGTG GCGTTACAAA ATCAAATAGT GTGCAGTATA	960
	TTGATTATAT CAATACGCCA ATTTTAGAAA TCAAGAAAGA TAATGAAGAT GTACTTAAAG	1020
	ATTTTACTA CATTTCAAAA GAAGACATCT CATTAAAAGA ACTTGATTAT AGATTAAGAG	1080
15	AACGTGCGAT TAAACAACAC GGCTTGATT CAAATGGTCT TAAACAAGGT CAAATTACAA	1140
	TTACAATGAA TGATGGCACA ACACATACAA TCGATTTAAG TCAAAAACCTT GAAAAAGAAC	1200
20	GTATGGGTGA GTCAATCGAC GGCCTAAGA TTAATAAAAT TCTAGTAGAA ATGAAATAAT	1260
	ACTTTCTAAC AACAAAGCGC TATGTTGAAT AGTGCTTGTT ATGGAAATAT ATGGAAGTTA	1320
	AGCGACGTAC TGTGCTTAG CTTCTTTTTT TGAGGGGAAA AGTTACAAA CTCACACAAA	1380
25	CAGTCGCACC ACGCATTATC TTTTGCTTAA ATAGCTTAAT CATATTTTAT GAATAGTTAA	1440
	AAACAGGTTA ATGTGAATAT CCGAATACAG CTCCTATAAT ATGGGTGTAT GATTCAAATT	1500
	ACGTAATAAA ACAATCTAAT TATAATAGAT TGGAGCATAC AACTATGAAA ATGAAAAATA	1560
30	TTGCAAAAAT AAGTTTGTTA TTAGGAATAT TAGCAACAGG TGTAACACT ACAACGGAAA	1620
	AACCAGTTCA TGCCGAAAAG AAACCTATTG TAATAAGTGA AAATAGCAAA AAATTAAAAG	1680
35	CTTATTATAA TCAACCTAGT ATTGAATATA AAAATGTGAC AGGTTATATC AGTTTCATT	1740
	AACCAAGTAT TAAATTTATG AATATCATAG ATGGTAATTC TGTTAATAAT ATTGCTTTAA	1800
	TTGGCAAAGA TAAGCAACAT TATCATACGG GTGTACATCG TAATCTTAAT ATATTTTACG	1860
40	TTAATGAGGA TAAGAGATTT GAAGGTGCAA AGTACTCTAT TGGGGGTATC ACGAGTGCAA	1920
	ACGrTaAAGC TGTCGACCTA ATAGCAGAAG CAAGAGTTAT TAAAGAAGAT CATACTGGTG	1980
	AATATGATTA TGACTTTTTT CCATTTAAAA TAGATAAAGA AGCGATGTCA TTGAAAGAGA	2040
45	TTGATTTTAA ATTAAGAAAA TACCTTATTG ATAATTATGG TCTTTACGGT GAAATGAGTA	2100
	CAGGAAAAAT TACAGTCAAA AAGAAATACT ATGGAAAGTA TACATTTGAA TTGGATAAAA	2160
	AGTTACAAGA AGACCGTATG TCCGATGTTA TCAATGTCAC AGATATTGAT AGAATTGAAA	2220
50	TCAAAGTTAT AAAAGCATAA CACATATACT TGATGACGAA ATAAGTTGAA ATTGAAATAG	2280
	AGAGGTTAAG TGACGATCAA ACGTTGCTTA ACTTCTTTTT AATGCTTAAA AATTATTTC	2340

55



	TTAATAATAC TTCAATAATT GTTAAAAGGG GTTTAATGTG ATTATCTTAG AACGCCATCT	2460
	ATAATGATGT TGTATGATTC AAATTACGTA AAAAGACAAT CGAATATAAT ATAGATTGGA	2520
5	GCATACAATT ATGAAAATGA GAACAATTGC TAAAACCACT TTAGCACTAG GGCTTTTAAAC	2580
	AACAGGCGCA ATTACAGTAA CGACGCAATC GGTCAAAGCA GAAAAAATAC AATCAACTAA	2640
10	AGTTGACAAA GTACCAACGC TTAAAGCAGA GCGATTAGCA ATGATAAACA TAACAGCAGG	2700
	TGCAAATTCA GCGACAACAC AAGCAGCTAA CACAAGACAA GAACGCACGC CTAAACTCGA	2760
	AAAGGCACCA AATACTAATG AGGAAAAAAC CTCAGCTTCC AAAATAGAAA AAATATCACA	2820
15	ACCTAAACAA GAAGAGCAGA AAACGCTTAA TATATCAGCA ACGCCAGCGC CTAAACAAGA	2880
	ACAATCACAA ACGACAACCG AATCCACAAC GCCGAAAACCT AAAGTGACAA CACCTCCATC	2940
	AACAAACACG CCACAACCAA TGCAATCTAC TAAATCAGAC ACACCACAAT CTCCAACCAT	3000
20	AAAACAAGCA CAAACAGATA TGA CTCCTAA ATATGAAGAT TTAAGAGCGT ATTATACAAA	3060
	ACCGAGTTTT GAATTTGAAA AGCAGTTTGG ATTTATGCTC AAACCATGGA CGACGGTTAG	3120
25	GTTTATGAAT GTTATTCCAA ATAGGTTTCAT CTATAAAATA GCTTTAGTTG GAAAAGATGA	3180
	GAAAAAATAT AAAGATGGAC CTTACGATAA TATCGATGTA TTTATCGTTT TAGAAGACAA	3240
	TAAATATCAA TTGAAAAAT ATTCTGTCCG TGGCATCACG AAGACTAATA GTAAAAAAGT	3300
30	TAATCACAAA GTAGAATTAA GCATTACTAA AAAAGATAAT CAAGGTATGA TTTACGCGA	3360
	TGTTTCAGAA TACATGATTA CTAAGGAAGA GATTTCTTGG AAAGAGCTTG ATTTTAAATT	3420
	GAGAAAACAA CTIATTGAAA AACATAATCT TTACGGTAAC ATGGGTTTCAG GAACAATCGT	3480
35	TATTAAAATG AAAAACGGTG GGAAATATAC GTTTGAATTA CACAAAAAAC TGCAAGAGCA	3540
	TCGTATGGCA GACGTCATAG ATGGCACTAA TATTGATAAC ATTGAAGTGA ATATAAATA	3600
	ATCATGACAT TCTCTAAATA GAAGCTGTCA TCGGAAAAAC AAGAAGTTAA GTGACAACGG	3660
40	TTTACATGTT GCTTAGCTTC TTTTATTATG CGTAATGATG TAAAAAGACG AATATTCAAT	3720
	TGTTTGTAAG AGTGGCATTT CTATGTCTTA AAAGTGACGA AACTTCAAAT GTGCCAAGTG	3780
45	TTGAATCACA TCAAATCAT TTTTATTTAA CGAACATTAT GGATTTCTTA ATTTACTTAA	3840
	CGATGATTCA AATATAGTTA AACAAGGTTT AATGTGAATG GAGCAATACG CCATCTATAA	3900
	TAAAGCTGTA TGATTCAATG AATGTAATCG AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA	3960
50	CAACTATGAA AATAACAACG ATTGCTAAAA CAAGTTTAGC ACTAGGCCTT TTAACAACAG	4020
	GTGTAATCAC AACGACAACG CAAGCAGCAA ACGCGACAAC ACTATCTTCC ACTAAAGTGG	4080
55	AAGCACCACA ATCAACACCG CCCTCAACTA AAATAGAAGC ACCGCAATCA AAACCAAACG	4140

EP 0 786 519 A2

	CGCCTTCAAC TAAAGTGACA ACACCTCCAT CAACAAACAC GCCACAACCA ATGCAATCTA	4260
	CTAAATCAGA CACACCACAA TCGCCAACCA CAAAACAAGT ACCAACAGAA ATAAATCCTA	4320
5	AATTTAAAGA TTTAAGAGCG TATTATACGA AACCAAGTTT AGAATTTAAA AATGAGATTG	4380
	GTATTATTTT AAAAAAATGG ACGACAATAA GATTTATGAA TGTGTGCCA GATTATTTCA	4440
	TATATAAAAT TGCTTTAGTT GGTAAAGATG ATAAAAATA TGGTGAAGGA GTACATAGGA	4500
10	ATGTCGATGT ATTTGTCGTT TTAGAAGAAA ATAATTACAA TCTGGAAAAA TATTCTGTCTG	4560
	GTGGTATCAC AAAGAGTAAT AGTAAAAAG TTGATCACAA AGCAGGAGTA AGAATTACTA	4620
15	AGGAAGATAA TAAAGGTACA ATCTCTCATG ATGTTTCAGA ATTCAAGATT ACTAAAGAAC	4680
	AGATTTCCCTT GAAAGAACTT GATTTTAAAT TGAGAAAACA ACTTATTGAA AAAAATAATC	4740
	TGTACGGTAA CGTTGGTTCA GGTAAAATTG TTATTAAAT GAAAAACGGT GGAAAGTACA	4800
20	CGTTTGAATT GCACAAAAAA TTACAAGAAA ATCGCATGGC AGATGTCATA GATGGCACTA	4860
	ATATTGATAA CATTGAAGTG AATATAAAAT AATCATGACA TTCTCTAAAT AGAAGCTGTC	4920
	ATCGGAAAAA CAAGAAGTTA AGTGACAACG GCCTACATGT TGCTTAGCTT CTTTGTAT	4980
25	GTTTCGATGAT TTGAGAACCC GAATTTTCGA TGGGTCCAAA TATGACGTGG AAGAGACCTG	5040
	AATTTATCTG TAAATCCCTA TCTATCGGGT GTGAAGCACA ACGGGATCAG TTTTATTTAA	5100
	CGAACATTAT AGATTCCTTA ATTTACTTAA TAATGATTCA ATGATTATTA AACATGGTTT	5160
30	AATGTGAAAG GTCAAATACG CTAACATAA TAAAGCTGTA TGATTCAATA GACGTAAGCG	5220
	AACAAATCTA ATAATTACGA ATGGAGCATA CAACTATGAA AATGACAGCA ATTGCGAAAG	5280

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 545:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 886 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 545:

45	AGTAAAATTG CCGGTATGAT GGACACAAAC GGTGACCTTG GTCAAGGTGA ATTAGCGATT	60
	AATCCACCTA AATCAGATTT gAACGAATTA CCTTGGGCTA CACGTAAAAA TAAACAGCCA	120
50	GCTTCATCCG AAAAAgGTTT AAGTGGTCAT CATGGTAATG CAGCAATGCC TCAAACCAmA	180
	TTAGATTATC AAATATCTAT TGATAAGGTC GTTGAACAGG CGCAAAAAGC TGGTATTAAA	240
55	AAGCCGTTTT CAATCGTATA TCCAAGTGAT AAAAATGGTA CCTTTATTGT ATCTAATACT	300

	GATCAATATA GCGGTAAAAA GCTAGGTACG ATTAAATATG ATGACTACGG TATTATTGCT	420
	AAATGGTTTA CATGGGGCAT TCCGCTTCAC GAAGGTCATT TATTCGGCAT TTAAATAAAA	480
5	ATCATTAAAT TATTTGTATG TATCGCTTTA TTAGTAGCCA TTGGCATGGG GTTTGTCTCT	540
	TGGATAAAGC GTACAAAAAA TACTGCAGTA AAAGTACCAC ATCGCGTAAA AAAACCAGCA	600
	TCTATATCAC TCATAATATG TTTAATTGTA TTAGGATTAT TAATGCCATT ATTTGGATTA	660
10	TCACTTATCC TTGTATTTAT AATTGAATTA ATATTATATA TTAAAGATCG TCGTGCTAAA	720
	CAATAATGCA CTTAAAGTTT TGAAGTACG AAATTTACAA AATGgATTCT CGTCTCTCTA	780
15	ATTACTTAAA ACGGGGtTcY AaTAATAAAT CgTACTGaTG GgAAAGTTTT TACTTTTTAT	840
	CTGtCCGAtT TTTTnGAAwT TGAAGATAAA AAAGCATCTA AAACGC	886

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 546:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 4336 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 546:

30	GGCATTGTG TCCTTATATA AGGAAGTGTG tTAAATACAT TACTGTTGTT AAGTTGTTTT	60
	TGTAATTCAA AGAGCAGAAC AGAGTAACAT CATCAGTTGT AGTAAACGAT AATCCGGTAA	120
	AACAATAAAA TGAAATAATG AAAGTCATTT AACCTGAACA TTAAATATA TTGTTTTTC	180
35	ATTAAGAATA ATTCAAGTAT ATTTAAATCG AGGTTAATTA TCGTATGAAA CGATGCACGT	240
	TATAATAAAA ATGTATGATT CAAATTACGT AATGAAAACA ATCCAATATA TTAAGATTGG	300
	AGCAAATAAAA TATGAAATTT ACAGCATTAG CAAAAGCGAC ATTAGCTTTA GGAATTTTAA	360
40	CAACAGGAAC TTTAACAACA GAAGTTCATT CAGGTCATGC AAAACAAAAT CAAAAGTCAG	420
	TAAATAAACA TGACAAGGAA GCATTATACC GATACTACAC TGGAAAGACT ATGGAAATGA	480
	AAAATATTAG TGCTTTGAAA CATGGTAAAA ACAACTTACG TTTTAAGTTT AGAGGTATTA	540
45	AGATTCAAGT TTTACTGCCT GGAAATGATA AAAGTAAATT TCAACAGCGT AGTTATGAGG	600
	GGTTAGATGT TTTCTTTGTT CAAGAAAAAA GAGATAAGCA CGATATATTT TATACTGTTG	660
50	GTGGTGTAAT ACAGAATAAT AAAACATCTG GAGTTGTCAG TGCACCAATA TTAAATATTT	720
	CAAAAGAAAA GGGTGAAGAT GCTTTTGTGA AAGGTTACCC TTATTACATT AAAAAAGAAA	780
	AAATAACACT AAAAGAAGT GATTATAAGT TGAGAAAGCA TCTAATTGAA AAATACGGAC	840

	ATAACCTTGA TTTAAGATCT AAATTAAAAT TTAAATATAT GGGGGAAGTC ATAGAAAGCA	960
	AACAAATTAA AGATATTGAA GTTAACTTAA AGTAAATCAT TACGAATAAT TAAAAGTAAT	1020
5	TGAAGCGGCT TAACGGTGAA ATGTAAATTG GTGCGCATAG CTTATACAAA AAGGATGCAT	1080
	CAATCGATAT CGTCGTTAAG CCGTTTTGGT TTGTGTGTCA TGAATCCTAT CCCAATCTCC	1140
10	ATAAAGGTAA AATTTCCACC ACCAACATCA AAATTCTCCA CATCGCAACA TAACCAAATG	1200
	TTATAATAAA TCTATTACAC AAAGAGATAA ATTACTTATT CAAAGGCGGA GGAATCACAT	1260
	GTCTATTACT GAAAAACAAC GTCAGCAACA AGCTGAATTA CATAAAAAAT TATGGTCGAT	1320
15	TGCGAATGAT TTAAGAGGGA ATATGGATGC GAGTGAATTC CGTAATTACA TTTTAGGCTT	1380
	GATTTTCTAT CGCTTCTTAT CTGAAAAAGC GGAACAAGAA TATGCAGATG CCTTGTGAGG	1440
	TGAAGACATC ACGTATCAAG AAGCATGGGC AGACGAAGAA TACCGTGAAG ACTTAAAAGC	1500
20	AGAATTAATT GACCAAGTCG GTTACTTCAT TGAGCCAGAA GATTTATTCA GTGCGATGAT	1560
	TCGTGAAATT GAAACGCAAG ATTTGATAT CGAACACCTG GCGACGGCAA TTCGTAAAGT	1620
	TGAAACATCA ACATTAGGTG AAGAAAGTGA AAATGACTTT ATCGGTCTGT TCAGCGATAT	1680
25	GGATTTGAGT TCAACGCGAC TAGGTAACAA TGTCAAAGAA CGTACTGCTT TAATCTCTAA	1740
	AGTCATGGTT AATCTTGACG ACTTACCATT CGTTCACAGT GACATGGAAA TTGATATGTT	1800
30	AGGTGATGCA TATGAATTCC TAATTGGGCG CTTTGGCGCG ACAGCGGGTA AAAAAGCAGG	1860
	CGAGTTCTAT ACACCACAAC AAGTATCTAA GATACTGGCG AAGATTGTCA CAGACGGTAA	1920
	AGATAAATTA CGTCACGTGT ATGACCCAAC ATGTGGTTCA GGTTCACTGT TGTTACGTGT	1980
35	TGGTAAAGAA ACACAAGTGT ATCGTTATTT CGGTCAAGAA CGTAACAATA CTACATACAA	2040
	CTTAGCACGC ATGAATATGT TATTACATGA TGTGCGTTAT GAGAACTTCG ATATCCGTAA	2100
	TGATGACACA TTGGAAAACC CAGCCTTTTT AGGCAATACA TTTGATGCGG TTATTGCGAA	2160
40	CCCACCGTAT AGTGCGAAAT GGAATGCAGA TTCAAAGTTT GAAAATGACG AACGATTCAG	2220
	TGGTTACGGC AAACCTGCGC CTAAGTCTAA AGCAGACTTT GCCTTTATTC AACACATGGT	2280
45	ACATTACCTA GACGATGAAG GTACCATGGC CGTTGTACTC CCACATGGTG TATTATTCCG	2340
	AGGTGCTGCA GAAGGTGTCA TTCGTCGTTA TTTAATTGAA GAAAAGAACT ACTTAGAAGC	2400
	TGTGATTGGT TTGCCAGCGA ATATTTTCTA TGGGACAAGT ATTCCAACAT GTATTTTAGT	2460
50	ATTTAAAAAA TGTCGCCAAC AAGACGACAA CGTACTATTT ATCGATGCAT CCAATGATTT	2520
	TGAAAAAGGA AAAAATCAAA ATCATTTAAG CGATGCCCAA GTCGAACGTA TTATAGACAC	2580
55	ATATAAGCGT AAGGAAACAA TTGATAAATA TAGCTACAGC GCGACACTAC AAGAGATTGC	2640

EP 0 786 519 A2

	GATTGATTTA GATCAAGTCC AACAGATTT GAAAAATATC GATAAAGAAA TCGCAGAAAT	2760
	TGAGCAAGAA ATCAATGCAT ACCTGAAAGA ACTTGGGGTG TTGAAAGATG AGTAATACAC	2820
5	AAAAGAAAAA TGTGCCAGAA TTGAGGTTCC CAGGGTTTGA AGGCGAATGG GAAGAGAAGC	2880
	AGTTAGGGGA TCTTACAGAT AGAGTAATTA GGAAAAATAA AACTTAGAA TCGAAAAAGC	2940
	CTTTAACAAT ATCCGGACAG TTAGGTTTAA TTGATCAAAC AGAATATTTT AGTAAATCAG	3000
10	TTTCGTCGAA AAATCTAGAA AATTATACAC TAATAAGAA TGGAGAATTC GCGTATAACA	3060
	AAAGTTATTC TAATGGATAC CCATTAGGGG CTATTAAAAG ATTAAGTAGA TATGATAGTG	3120
15	GTGTATTGTC CTCTTTGTAT ATTTGTTTTT CTATTAAAAG TGAAATGTCT AAAGACTTCA	3180
	TGGAAGCATA TTTTGATTCTG ACACACTGGT ATAGAGAAGT TTCTGGAATT GCAGTTGAGG	3240
	GTGCAAGAAA TCACGGATTA TTAAATGTTT CTGTGAATGA TTTTPTTACT ATTCTAATTA	3300
20	AATATCCAAG TTTAGAAGAA CAGCAAAAAA TAGGCAAGTT CTTAGCAAA CTCGACCGAC	3360
	AAATTGAATT AGAAGAACAA AAGCTTGAAT TACTTCAACA ACAGAAAAAA GGCTATATGC	3420
	AGAAAATTTT CTCACAGGAA CTGCGATTCA AAGATGAGAA TGGTGAAGAT TATCCAGATT	3480
25	GGGAAAATAG CAAAATAGAA AAATATTTAA AAGAGAGAAA CGAACGTTCT GACAAAGGGC	3540
	AAATGCTTTC AGTAACTATA AATAGTGGCA TTATAAAATT TAGTGAATTG GATAGAAAAG	3600
	ATAATTCAAG TAAAGATAAA AGTAATTATA AAGTAGTTAG GAAAAATGAT ATTGCATATA	3660
30	ATTCTATGAG AATGTGGCAA GGGGCTAGTG GTAAATCAAA TTATAATGGG ATTGTTAGCC	3720
	CTGCATATAC TGTGCTTTAT CCAACACAAA ATACTAGCTC ATTATTTATT GGATATAAGT	3780
35	TTAAACACA TAGAATGATT CATAAATTTA AAATTAATTC ACAAGGATTA ACATCAGATA	3840
	CATGGAAGTT AAAATATAAA CAATTAAAAA ATATAAATAT AGATATACCT GTATTGGAGG	3900
	AACAAGAAAA GATAGGTGAT TTCTTTAAAA AAATGGATAT ATTGATAAGT AAACAGAAAA	3960
40	TGAAATTTGA AATATTAGAA AAAGAGAAAC AATCCTTTTT ACAAAAAATG TTCTTATAAC	4020
	TTTGATAAAT ACATAGATTG CATAAGAATA AAATTTGTAT AATTTAACAT AAAAGTTGTA	4080
45	AAAGTAAAGT GAATTAAAAA CGAACATTAA ATTTAGGCAC TGTGAAAGCG CAGTGTCTTT	4140
	TTTGTGTCGA AATTGTGTAC AGAATAAGTA GTTAAATAAA GATTAAAGTTG AGATAAAGTG	4200
	TTATTCGTAA ATAAAAGAGA GTAGATCGAT AGGAATTGAA TGATATTAGT TAACTATTTA	4260
50	TTAAATTAAT TAATAATGAT TAATTTTTAG TTAAAGTAAG TTTAATGTGA AGCACGACCA	4320
	TTGCTCATT TAATGA	4336

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 547:

55

- (A) LENGTH: 487 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 547:

10	TAAGCTATCT GAGATAATTG CTGATAACAT TAAACCGGCA ATTCAGGTT TAATTTCAAA	60
	GCCACGTTCT CTAAACATTT TGTATAAAAT TGTAGCTGTA CAACCAACTG GTTCAGCAGC	120
	ATAACATAAA GGACCAGCAG TTTCGAAATT TGCAATTCTG TGATGATCAA TTACATGCTT	180
15	AATTGTAGCA GAGGCAATCG TATCAGAACT TTGTTGGaAT TCGTTATGAT CAACTAAGAT	240
	AACATCTTGA CCATCTAAAT CATCTGTAA TAATTCGGA GCAGGTACAT TAAATGTATC	300
	TAACGCGAAT TGAGTTTCTG CACTCACATC ACCTAAACGG TATGCTTTGG CTCCTGAATT	360
20	ACCTCGAAGT TGTTCaAATT CTGCCaTAAT AATCGCAGAT GAAATTGCAT CAGTGkCTGG	420
	aTTCTTATGT CCGAAAATAT ATGTTTTAGC CanTGTCAAA TATCTCCCTT GTAAATTGTA	480
25	TTCTTTA	487

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 548:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 871 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 548:

35	TTGGTGGTGC AGCAGTTATA GCAATTGTTT TAGCATTCAT TGGTAAGTTC ACTGCATTAA	60
	TTTCTTCTAT ACCTACmCCA GTTATGGGAG GAGTATCTAT ATTACTTTTC GGTATTATTG	120
40	CAGCAAGTGG CTTAAGAATG TTAGTTGAAA GCAAAGTAGA TTTTGCGAAC AATCGAAATT	180
	TAGTTATAGC TTCTGTAATT TTAGTTGTAG GTATCGGTAA TTTAGTATTT AACTTAAAAG	240
45	AAATTGGTAT CAACCTTCAA ATTGAGGGGA TGGCATTAGC TGCACTTTCA GGAATTATTT	300
	TGAACTTAAT CTTACCTAAA GAGAAAAAAC AAAACAATTA AGATTTACAA ATTAAGGAGG	360
	GCGCTTTTAT GAATCATTTA TTATCAATGG AACATTTATC TACAGATCAA ATATACAAAC	420
50	TTATCCAAAA GGCAAGTCAA TTTAAATCTG GTGAACGTCA ACTACCAAAC TTTGAAGGGA	480
	AaTATGTCGC AAATTTATTC TTTGAAAATT CTACTCGrAC AAAATGTAGT TTTGAAATGG	540
55	CAGAACTTAA GCTAGGGTTA AAAACGATTA GCTTTGAAAC ATCAACATCA TCTGTTTCAA	600

TCATTAGACA TCCGTTTAAT AACTACTATG AAAAATTAGC GAATATTAAAC ATCCCAATTG 720  
 CGAATGCTGG TGATGGTAGT GGACAACATC CAACACAAAG TTTACTTGAT TTAATGACGA 780  
 5 TATATGAAGA ATATGGATAT TTTGAAGGCT TGAATGTATT GATTGTGGA GAcATTaAAA 840  
 ATTACAGTGT CGCACTAGTA ATTACCAAG T 871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 549:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 549:

20 TCAATCTAAT ATATACTTCA TGACTTCCCG CCAAAGGCGC AATCGTAGGA TTAGTCTGTT 60  
 TATCGATAAG ATCTATTAAT ATTGTTTCTA CTTTAGATTC ACCTATTCCC GCAAATCTTA 120  
 ATAGTTCAGA ATGTATAATT CGATTATGGT TTATAAAATG TGACAACAAT TCATTTTCA 180  
 25 CCATTGGTTG CATTTCTTTC GGTGGACCTG GTAATAAAAT AATTGTTTG TTTTCAAAAT 240  
 TCACCATCAT TCCTGGAGCC ATGCCATGAT GATTGTGTTAA TACAGTTGAA CCTTCAATTA 300  
 CTAAAGCCTG TTGTCTATTA TTAGGTGTCA TTTCTGTCC TTGTTCTCA aAAWAGCTTT 360  
 30 CAATATATTG AAAGAAGGCT CATCAATAAC TAAATCTnTA 400

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 550:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 35 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 550:

45 ATACCTCCAG CTAGAATACC AGCGTATTTT ATAAAATACT TCCTCCATTC AACTATATCT 60  
 ATATTTAATT ATTTAAATTT CGTTGCATTT TCCAATTGAA AACTCATTTT AAAATCAAAA 120  
 CTCTAAATGT CTGTGTATTA CTTAAATTA TACATATTTT GCTTATATTT TAGCATATTT 180  
 50 TGTTTAAACC TATATTACAT TATATCAGAC GTTTTCATAC ACAAATAATA ACATACAAGC 240  
 AACATTTTCG TTTATTATTT ATATCACTTA ACTAATTAAT TTATAATTTT TTATTGTTTT 300  
 TAAGTTATCA CTTAAAAATC GTTTGGCaaA TTCGTGTGA CGCTTGTTCA TCTTCTAATG 360

TTTGTTTTAA TGCATCAATG AGTGCTGTTT GATTTTCAAC AATTGGACCT GGCAACTCTT 480  
 TTTTATAATC CATGTAAAAA CCTCTAAGCT CATCGCCATA TTTATCTAAG TCATATGCAT 540  
 5 AGAAAATTG CGGACGCTTT AATACACCGA AGTCGAACAT GACAGATGAG TAGTCGGTAA 600  
 CTAACGCATC GCTGATTAAG TATAAATCCG AATGTCTTC ATAATCTGAA ACGTCTTTCA 660  
 CAAAATCATC ATGTTTCATCA ATACGTGTCA CAACTAAATA ATGCATGCGT AAKAAAATAA 720  
 10 CATAATCATC ATCCAGCGCT TGACGCAAAG CTTCTATATC AAAGTTAACA TTAAATTGAT 780  
 ATGAACCTTC TCGAATCGCT TCATCGTCAC GCCAAGTTGG CGCGTACATA ATCACTTTTT 840  
 15 TATCTAATGG AATATTTAAT CTTGTCTTAA TACCATTAAT ATATTCAGTA TCATTGCGTT 900  
 TATGTGATAA TTTATCATTT CTTGGATAAC CTGTTTCCAA AATCTTATCT CGACTAACAT 960  
 GAAATGCATT TTGAAATATC GATGTCGAAT ATGGATTAGG TGACACTAGA TAATCCCACC 1020  
 20 GTTGGCTTTC TTTTTTAAAG CCATCTTGGT AATTTTGAGT ATTTGTTTCT AGCATTTTAA 1080  
 CGTTACTAAT ATCCAAACCA ATCTTTTTTA ATGGCGTGCC ATGCCATGTT TGTAAGTACG 1140  
 TCGTTCGCGG TGATTTATAT AACCAATCTG GTGTACGTGT GTTAATCATC CwCGCTTTG 1200  
 25 CTCTTGGCAT CGCTAAAAAC CATTTTCATTG AAAACTTTGT AACATATGGT ACATTGTGCT 1260  
 GTTGGAATAT GTGTTTCATAT CCTTTTTTCA CACCCCATAT TAATTGGGCA TCGCTATGTT 1320  
 CAGTTAAGTA TTCATATAAT GCTTTGGGGT TGTCGCTGTA TTGTTTACCA TGAAAGCTTT 1380  
 30 CAAAATAAAT TAGATTCTTG TTTGGCAATT TTGATAGTAA TTTAAAAGTC GTATATATAC 1440  
 TATGTTCTAT CAATTTTTTA ATTGTATTTT TAATCATGTC GTACCTCCGA CGTGTTTTTG 1500  
 35 TAATTATATT AATATGTATG AGC 1523

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 551:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4923 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 551:

CAGTAAGAGA TTTTCTTAAT TGAAAATAAT CTTACTGCTT TTTTAAATTT AATTTCGAGA 60  
 TTCAATATTA GTTTATCTCA TTGTGGCATT AATTGATAAA ATTGTTTTAA TGTATATAAT 120  
 50 CAAAGTCTTC TTCAACAATT TCAATGTCTG CATCAGATCT ATGATATGTG AAAAAGCTAA 180  
 TTCTTATGCG GTCTAAATGC TCTAAATGGT GTCGATACTC TTCGATGGCT GCAACAATTT 240



	ATGTGGACAA TAAATCTTTT TTCTGCGGAT TATCTAACTC ATAATCAACA TGTGTCACAT	360
	TATAACGTGC TTTTITAGAA AGGCTAGCTA AAATTTGCTC GTGAAAAGCA GTTAATGAAT	420
5	CTAAATCTAA TTTGATTTGT AATAGGAAAT TGTTATTAAG TAAATATAAG TCGTTTTGAT	480
	AACGCGACAA TTTGTTTAAT ACTTCATAAG CTTGTCTAGT CGTCTGAACT ACTTCTCTGA	540
	AAAGTATTTT CTTTCTATTC TGTTGGTGAA TATGTTTTTT TGTAATAGGA CGTTCCTCGC	600
10	TATAGTAATC ATAAATTTTC TCTAACTTTT CGACACGTTG TTTTAAATTA TGAATATCTT	660
	GTTTAATATT ATTAAACTCC GTCGTATCAT TTAATACTAA TTTAAACCAC ATAAAAATAT	720
15	CTGAGGATAT ATTTAATGAA TTATAGTAAA TTTTGTGTTT AAATTTAGGT GGTAGAAACA	780
	CAAAGTTAAC TAGAGATGAA CTTATGACAC CAATCATTAC AAGTACAAAC CTGTAAAAGG	840
	CGGTAATATA GAAAGAACCG GTATGTTGTC CCATAATGAT TAATGCTGTT ACACTCGCCA	900
20	AAGTAGCAAC ATGTGCTAAA TTAAATTTAA ATAAAATAGC AATAAGTACT ATGACGGTAA	960
	CACCCATAAT GATAAAATTA TCACTAAAAA TGTTTACCAT TGTAACAGAT AGTATGGCAC	1020
	CTATAATGTT ACCCAATGCT TGATCAGAAA CTGTTTTAAA TGAACGATAA ATACTAGGTT	1080
25	GCATTGCACa ACAGCACTGA CACCAGCTAA GGCTTTCAGA CCAACATCAT CCGGTAGTAA	1140
	AGAAGCGATA GACATAGCTA AAATAATGGC TATACCAGTT TTAAAAATCC GAGCTCCTAG	1200
	TCTCAAAAAT AATGACGCCC CTTTTAAGTT TATTGAATAT CTAATATTCG TATTCATTAC	1260
30	TGTTATACAC TTAGTAGTTA CAAAATTCAA GCTTATTTAT AGTTGTTAAA ATAAATCATA	1320
	CATAATACTG ATAGCGATGT AAAACTTTAG TCAGAGATTA AAATAGTATA AATTTGTAAA	1380
35	ATAAAAATC ACATAGTGAC ATATCAAGTT AAACGTTAAT AGTTAACGAT ATAAAATGAA	1440
	TCTACTATGT GAGCATTGTC TTTATTTTAA TTCAATTAAA AATATACTTC CTTAAAAGTT	1500
	ATTTCAATTG ACTAAAAGCA TAGTCTGCAG CTTTTAAAGT TTGTTTAATA TCTTCTTCTG	1560
40	TATGTTCAGT TGTTAAGAAC CAAGCTTCAA ACTTAGAAGG TGCTAAATTG ATACCTTGAT	1620
	TTAACATTAA TTTGAAAAAT TTACCGAACG CTTGCGCCGTC AGAATGTTCA ACTTGATCAT	1680
	AATGTGTGAC TTTTTCATCT GTAAAGTACA ATGTTAAAGA TCCATAAATA CGATTAATTG	1740
45	TAGCTGTGAT ATTATGTTTT TCGATTAAAT TAAGTAAACC TTCTTCTAGT TGTTGGCCTA	1800
	AGCTGTCTAA TTTTTCATAA ACACCGTCTT GTTCTAGTAC TTCGAGTAAT GCAATACCTG	1860
	CTTTCATAGA TAACGGGTTA CCAGCCATTG TACCAGCTTG ATATGCAGGT CCTAGAGGTG	1920
50	CTACTTGTTT CATAATATCT TGACGTCCAC CATAGCCTCC AATTGGTAAA CCACCGCCAA	1980
	CAATTTTACC AAATGCAGTT AAATCAGGGA TAACACCTAA TAAATCTTGA GCGGCACCGT	2040

55

AAATTTTCATT AACCTCTTCT AAAAATCCAG GTTGAGGCAT TACCATTCCA AAGTTACCAA 2160  
 CAATTGGTTC TACTAATACT GCGGCAATTT CATCACCCCA AAATTCAATT GCTTCTTTAT 2220  
 5 AGGCGTTAAT ATCATTGAAA GGTACAGTAA TGACTTCACG TCGGACGCTT TCTGGAACAC 2280  
 CAGCTGAGTC TGGAGAACCG AGCTGAGATG GGCCGCTACC TGCTGCAACC AATACTAAAT 2340  
 10 CAGAATGGCC ATGATAAGAT CCAGCAAATT TTATAATTTT ATTTCTTTTA GTATATGCAC 2400  
 GTGCAACACG AATTGTTGTC ATGACTGCTT CTGTTCCAGA ATTTACAAAG CGAATTTTCT 2460  
 CAAGAGATGG AATTGCATCA CGTAATTTTT TGCTGAATTC AATTCTAAT TCAGTCGGTG 2520  
 15 TACCAAATAA AACACCTTTA GCAGCTTGTT CTGAATTGC TTTAGTAATA TGAGGATGTG 2580  
 CATGCCCCGT AATAATTGGA CCGTATGCTT GAAGGTAATC AATAAATTTA TTGCCATCGA 2640  
 CATCATATAA ATATGCACCG TGTCCTTCTT TCATAACAAC AGGTGCACCG CCTCCTACAG 2700  
 20 CTTTATAAGA ACGAGAAGGG GAATTGACAC CGCCTAGAAT ATATTCGTTT GAAAGTTGTT 2760  
 GTAAACGTTT ACTTTCACTA AAATTCATTT ATATCAACCT CTTTTAATTT AATATTTTCA 2820  
 TCTAATATCG TATCATAAAA TTATTATAAT GAAGAAAAAG GTGATTATAT GTTGCAAAAA 2880  
 25 GGAGAACAAT TTCCAATATT TAAATTAGAA AATCAAGACG GAACTGTCAT TACAAATGAT 2940  
 ACATTAAAAG GTAAAAAGGC GATTATATAT TTTTATCCTA GAGATAATAC ACCTACTTGT 3000  
 ACCACAGAAG CTTGTGACTT TAGAGACAAT TTAGAAATGT TCAATGATTT AGATGTTGCA 3060  
 30 GTATATGGTA TAAGCGGTGA TTCAAAGAAA AAACACCAAA ATTTTATTGA GAAACACGGA 3120  
 TTGAATTTTCG ATTTATTAGT AGATGAAGAT TTTAAATTAG CTAAGAAAT GCGGTATATC 3180  
 35 AGTTAAAAAA ATCATTGGGC AAAGAAAGTA TGGGCATTGT AAGAACGACT TTTATAATAG 3240  
 ATGAACAAGG TAAAGTATTA GATGTTATCG AGAAGGTAA GGTAAAACA CAAATAGAAG 3300  
 AACTTAAAAA CATTTTGGGG TGACATATAT GAAAGTTGTT GGGTTAAATC GTATGCGTGA 3360  
 40 AGTTGAAACT GAATTACAAC AACGCTTTTC AGATTAGAT TTTAAATTTT ATAAAAAGC 3420  
 ATCAGAAATA CCTGAGAGCG ACTTGGCTGA TTTAGATATA TTAGTTGGTT ATGATGGCGG 3480  
 TATCAATGAG GCATTTTTAC GACGTGCCC GAATTTAAAA TGGATTGCAT GGTTTGCAAC 3540  
 45 GGGTGTAAT ACATTGCCGT TAGATTATAT TGCAGATCAC GGCATACTTT TAACTAATGG 3600  
 AAAAGGTGTT CAAGCTAAC AATTATCTGA ATACATTTTA GCTTTCATT TAGATGATTA 3660  
 TAAAAAGATG AACTATCAT ATGATAACCA ACGACAACAT ATATATGATT CGAAAAATAC 3720  
 50 TGGTAAACGC CTATCAGGAC AACAGTTTT ATTTTAGGT ACAGGTGCAA TTGCTACTAG 3780  
 AACTGCGAAG TTAGCAAAGG CTTTTAATAT GAATTAATT GGTCTGAGCA AGTCAGGTCA 3840

55

TGCTGACATT ATTATAAATG CTTTACCAGA AACGCAAGAA ACGATTCaTT TaCTAAAGAA 3960  
 AAAACATTTT GAATTAATGA AAGATGAAGC ACTTTTATA AATATAGGAC GAGGTAGCAT 4020  
 5 AGTTAAAGAA GCGCTCTTAA TAGAAGTATT AAAAAGTAAA GTTATTCGAC ATGCATATTT 4080  
 AGATGTGTTT GAAAATGAAC CTTTGAAACC TAATCATGAA TTATATGAAT TGGATAATGT 4140  
 AACTATAACA GCGCATATAA CTGGTAATGA TTATGAAGCA AAGTATGACT TATTAGATAT 4200  
 10 TTTTAAAAAC AATCTAGTTA ATTTTCTCAA TAAGAATGGT CTAATTGAGA ATGAAGTTGa 4260  
 TGCTAAAAAA GGCTATTAAA TGAATCATC ATGTAAATAT TGACACGCGC GCAATACTAC 4320  
 15 AGTTATATTT aTAGTAAGTt AATaATgATT ATATAAGAAa GATGGTgATA TAGATGAGTG 4380  
 TTGAAATAGA ATCAATTGAA CATGAAGTAG AAGAATCAAT TGCATCATTG CGACAAGcAG 4440  
 GCGTAAGAAT TACACCTCAA AGACAAGCAA TATTACGTTa TTTaATTCT TCACATACTs 4500  
 20 ATCCAACAsC TGaTGaAATT TATCAAGCAC TTTCACTGa TTTTCCAAAT ATAAGTGTG 4560  
 CGACAATATA TAATAACTTA AGAGTGTTTA AAGATATTGG AATTGTAAAA GAATTAACAT 4620  
 ATGGAGACTC ATCAAGTCGA TTCGACTTTa ATACACATAA TCATTATCAT ATTATATGTG 4680  
 25 AACAAATGTGG TAAGATTGTT GATTTTCAAT ATCCACAGTT AAATGAAATT GAAAGATTAG 4740  
 CTCAGCATAT GACTGACTTT GACGTAACAC ATCATCGAAT GGAAATTAT GGAGTTTGTA 4800  
 AAGAATGCCA AGATAAATAA TTTAACTTTG GTAGTATGAC AAATTAAAAA AGCGTTACTw 4860  
 30 ACTTCATATA AGTAAGCGTA ATATTTAAGA nGTAAACGA CATGaAAGTt GTTTAACTTT 4920  
 TTT 4923

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 552:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 917 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 552:

45 TCCGGCTTTA AAAACTTTTC CCAATTCCAG CTTGGGCCTT TGGCATTAAAT ATTAACCTCC 60  
 TGGTTCGGAT TAATTGGGAA CCTAACChTT TAGGCAATAA TTGGTTTAGG CAACTTCCAA 120  
 50 ATTGGTGGTT CAACCAACGT CTTTGATAC CyTGcTCATT TAATTCTAAA ATGgTyrGAA 180  
 CGCATTTTGG TACCCAAAAt GgTGACGTTT GTTTCACGG TCTAATAAAT TGTCTAAGTT 240  
 GTCGATTGGT TTCATTAAAT GAaCACCATT TTGCTCTTCA GCAAGACCTT TGTCTACTTT 300

GCGATCCATT GTTTGTTCGA AAAGAATAGC ACCCAAAATT TTATCTGGTG AGAATGAAGG 420  
 TGAAGTTACC ACACGTGTAC GCATATCGTG AACAAAGTTGG AACATTTTCGT CTTCATTGCT 480  
 5 ATATTGATCT TCGTTTACAC CATATTCCTTT AAGTGCTTTT GGTGTACTAC CACCACTTTG 540  
 GTCTAATGCG GCAATAAAGC CTTTTCCATT TTTCATTTTT TCTAATTGCT CTTTATTCAT 600  
 ACTTTCCACT CCTTAACTTT TCAATACACC TCCAGTATGA TAAAAATGAG AACATTTCTC 660  
 10 AAGTCATAAA CCTTGAAAAG TGTATAAAAT GTGAAAAATA ATTGTCAGTT TAATTAAAAA 720  
 TATTATTTTA TTCTAGGTAT GACTAACGCC ATTAATGACA TAAAGAAAAT ATGTGTAATA 780  
 15 ATCCAACCGA TTAATTCTGT CACACTAAAT TGAAAAATTG GACGTTGCGC AATAAATACT 840  
 AAAAAGGGAT ACAATGCTAT AAATAAGAAA AATAAAGGGA TATAACATAG ATAGTAAAGC 900  
 CTTTTAGAAG TATGAAA 917

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 553:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 432 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 25 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 553:

30 ACTCCCATAT CCACTGGCAA GATTATAAT TTGTAATTCT AAAGTATAAT AGCCTATATT 60  
 TTTCAAATC TCTTTTTTTA TGATTAACAT CCCTCTAAGT GCACCTAAAG GTTTTTATGT 120  
 35 AATGTATTAA ATATTTCCAT TTATACATAT ACATCTTGTA TAAAAAGAAA GAACTCCATA 180  
 TATACTCAAA AGGTATACTG AAGCTCTATA TATTATATAA AATTATTATA CTATTTTGAA 240  
 AAACATAAGT AAATCACTAA ACATGATTTT TTTCACTTTT AGAAAACCTT TAATACTATA 300  
 40 AAAGCACCCA CTCAGTCACT AGTTTGGGCA GTTATTGTAT GCCTATTGaa CTCAATGCgT 360  
 ATATTACAAT ACCTTTTTtCG CATATTCATA TAAGacTTTG CATCTTTAAG CTTAATTGCT 420  
 ATCTCTTTCT CT 432

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 554:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1374 base pairs  
 50 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

	TTTTGCTTTA TGTTAAATGG ATTATTaTTA GAATAAAAAA TCGGTGATGA GCTAAAAAAG	60
	TGTGTAGGAT GTTTTCCKAA CCCAATTTTT ACATCCGAAG ATATCGAACA ATATCTTCTC	120
5	ACTTCTACAT TATTAAAATC ACTACCAAAT CCAATATAAC TGTATTCACC AATGTGAGAA	180
	TTCCTGATTT TACACCATCT ATCTATATAG TTATTGCCAT CAAATTTTGA GTTTGTAATA	240
	TACGCCAAGC GATGAATCTT AACATTCGAT TCTTTAGAGG ACTGGTTTTT CAGCAAACCA	300
10	ATTATCTTTT CAATCGCTAT CCTCATCGTC ATTTCTCTCA AGTATTTTGA TTGATAATAT	360
	CTTTATAGCT TTGAATAATT TTAACCTACCT TTGTCGAAAC GTTAGTGTCT TTATAATCAA	420
15	TAGCATCAAT CATCGGTTTCG TTATTGTTTT GCATCTCTCT TGCTAGTTCA ACGGATTGGA	480
	TTAGATTGTT ATAGGTAATA CCACCTACAA TAACCGTACC TTTATCTAGT ACTTCCGGTC	540
	TTTCTGTGGA AGTTCAATA AGGACACCAG GGAACCTCAA AATAGACGAC TCTTCTGACA	600
20	ATGTTCCACT ATCTGATAGC ACAACAAATG CATCTTTTTG CAATGCATTA TAATCAAAGA	660
	AACCAAATGG CTTTAACTGT TTAACCTAATG GATCAAATTC AAATTTACTT TCTTCAATTT	720
	TCTTCCAAT TCTTGGATGC GTTGAATAAA TCACAGGCAT TTTATACTTT TTGGCAATAT	780
25	CATTTATCGC ATTCAATTAAT GATTTAAAT TCTTTTCATT ATCGATATTC TCTTCTCTAT	840
	GCGCAGaTAC TAAAATGTAT TGTTGCGGTT CTAATCCTAG TTTATTTAAA ACGTCACTGT	900
	GATTAATTTT ATCTCGATGC GCTTCTATCA CTTCTGTCTC CGGTGATCCT GTyACAAAGA	960
30	TATTCGCTTT ATTGAAGCCT TCATCTAATA AATAACGTCT GCTATGTTCC GTATAAGGTA	1020
	GATTCACATC ACTGACATGG TCAACAATTT TACGATTGAT TTCTTCAGGT ACATTCTGAT	1080
35	CAAAGCATCT ATTACCCGCT TCCATGTGGA ACACAGGAAT CTTAATCGT TTAGCAGATA	1140
	CTGCTGCTAA ACAACTATTT GTATCACCAA GAATTAAGA TGCATCTGGT TGTTGCGGTA	1200
	ATAAAACATC ATATGTCTTC GCAATAATAT TCCCCaTCGT TTCTCCaNGt TACTTCCAAC	1260
40	TGCCTCTAAG TAGTGGTCCG GTTGTCTTAA TTCCAAATCA TCAAAGAAAA TTTGATTCAA	1320
	TGTATAATCA TAATTTTGAC CAGTGTGTAC TAATATCTGA TTaAaAATAT TGAT	1374

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 555:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1472 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - 50 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 555:

55

TTACCTCTAG GCATGTCCCT TTCACGGTTT GCTTATGATA ACGTTATCGA CATTGTTAAA 120  
 TTGTCCTTTT TGAAAAAATA ATTCTGGTGA GATAGACGCT ACTTGGaTTT CaTCaGTTTG 180  
 5 TAAtAACGCA GtATAAtTAC CaTTACTAAA tTGaGTTAAT CGTTCaTATA AAGTACTAAT 240  
 AGGATAATAA ATGTTATCCG TTAAGCGCGC CGTATAGTTC ACTTGATACG TTTCGCCTTC 300  
 10 AACAAATTGCT TGTGGACAC GTTTAATATT AGTCATCATA ACCTCAGAAG ATTCAACAAA 360  
 TGAAAAATGA TACTTTGATA CATAAGAAGT TTGATGTTCA TATGTTGAAT TTATGCTTTC 420  
 CGCTTTTTCA AAACATAAG CTGCTGCATA AATATCATCT TTAGCTAATG AATGTGTACA 480  
 15 CATAGCATGA TTAAATACT TTGCCGCTTC GTAACCTAAA TATAACGAGA CATATCTACC 540  
 TTGTCGtKgt GCGCTTGTC AAAGTGATC ACTTCTCCA CATCAGCCAA CTTAGTAGCA 600  
 ACATACTTCT TTATAAATCC CTTAATTGA ATATGGTATT GCTTATATTC ATTTTCAGTT 660  
 20 AAATAGTAGC GATAATTATA TTCTATTCTC ACAGTAATCA CCTACCTTCG ATAAAAATAA 720  
 TTCAACTTGT CGATAACCGT ATTCACTCAA AATAGATTCA GGATGATATT GCACACCAAA 780  
 AACCGGAAAT CTAATATGCT CAAATGCCAT AATAATCGCT TCATCGTTTT TTGCTGTAAT 840  
 25 CTTTAAGCAA TTTGGAAAAG TCGCTCCGTC AGCAATTAAT GAATGATAAC GCATTACATT 900  
 GAAATTTTGA GGCAGTCCTT GAAAAATACC TTCATTGGTA TGGCGTAACT GTGTAGTATG 960  
 TCCGTGTACA GGATGATAGC CGTGAATGAT ATTTCCACCA AAATAAGACA CGATACATTG 1020  
 30 AAATCCTAAA CATAACCTA GTATAGGTAC ACGCTGATAA AATTGTTCTA ACACTTCATT 1080  
 CAAGATAGGA TAATCATCCG GaTTACCCGG CCCAGGCGAA ATAACAATTG CTTTTGGCTT 1140  
 35 CATATTAATG ACGTCTTCTA TCAGCAGATT ATCAATACCA ACAACTTGAA CTGTTAGTTT 1200  
 CGTTTGAGTC TTAATATAGT CTATTAAATT ATATGTAAAT GaATCATTAT TATCTATGAC 1260  
 TAGAATCATT GTATACTCCG TTCTAAATGT GTTTTATTTT TATAATATGT ATTGGATGTA 1320  
 40 GCTAAACTT TAAAAGCATT GTCATTATCC TGACCTTGAT TTAACTAAT ATATGGTATA 1380  
 TTCTATTCAT CGTACATAAA TGAATATCAG AGGTTCCCTAG CTGAAACCCT CTATAAAAAA 1440  
 CTAGGCCATT GAAATTTCAA ACATTCGTTG GG 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 556:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1054 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

AGAACAGCAA GGATTACTTA CTGAGGAATT AAAGAAGGAT ATTTTAAAC AGAACAAATT 60  
 ACAACGTGTT GAAGACCTAT ATAGGCCTTT TAAACAAAAG AAAAAGACAA GGGCAACTGA 120  
 5 GCGGAAACGT AAAGGGTTAG AGCCATTAGC GATATGGATG AAGGCACGTA AACATGAAGT 180  
 CTCAATTGAA GAAAAAGCAC AACAAATTAT AAATGAAGAA GTGCAATCGG TTGAAGATGC 240  
 TATCAAAGGT GCACAAGATA TTATTGCGGA ACAAATTTCA GATAATCCTA AATATAGAAC 300  
 10 AAAAATTTTA AAAGATATGT ATCATCAAGG TGTGTTAACT ACATCTAAAA AGAAAAATGC 360  
 TGAAGATGAA AAAGGTATTT TTGAAATGTA CTATGCATAT AGTGAGCCAA TTAAACGCAT 420  
 15 TGCTAATCAT AGAGTTTTAG CTGTTAATCG TGGTGAAAAA GAGAAAGTAT TATCTGTAAA 480  
 GTTTGAATTC GATACGACAT CAGTAGAGGA TTTCAATTGCA CGTCAAGAAA TCAATCATAA 540  
 TAATGTAAAT CGCAGTTATA TTTTAGAGGC GATTAAAGAT AGCTTGAAAC GCTTAATTGT 600  
 20 CCTTCGATA GAGCGTGAAA TCCATGCTGA TTAACTGAA AAAGCTGAAA ATCATGCAAT 660  
 AGATGTTTTT AGTGAAACT TAAGAAATCT ATTACTGCAA CCTCCAATGA AAGGTAAACA 720  
 AATATTAGGC GTAGATCCAG CATTTAGAAC AGGTTGTAAA TTAGCAGTCA TTAACCCATT 780  
 25 CCGTACTTTT ATAGCAAAAG GTGTGATTTA TCCGCATCCA CCAGTTTCTA AAAAAGAGGC 840  
 AGCAGAGAAG GATTTTGTAC AAATGGTTAA AGCGTATGAT GTGCAATTAA TTGCAATTGG 900  
 CAATGGTACT GCAAGTCGTG AAACAGAACA ATTTGTTGCA GATTTAATTA AAAAGCATCA 960  
 30 GTTGCCAGTA CAATTCATCA TTGTCAATGA AGCGGGCGCT TCAGTATACT CAGCATCAGA 1020  
 AATTGCTAGA GATGAATTTT CTGATTTTCA AGTG 1054

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 557:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1057 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 557:

AAATGTCAGA ATACAAGAAA AAAATAATTG AATTAATTGA AAGTAATTTA ACAGGATATG 60  
 AAATTTCTAA AAAAAGTGA GTTTCTCAAT ACGTACTTTC ACAATTAAGA CAGGGCAAAC 120  
 50 GCGAAGTAGA TAATCTAACC CTGAATACAA CAGAAAAATT ATATGAATAT GCCAATAAAG 180  
 TTTTGTAAAT TAACTAATGT ATAAATTAAT CAAGCTATGT TTATTTGATT TAACTATTAA 240  
 TAAAAATCAT ATGGTGAATG GATATTATAA TAATTAAAT ACAAAAAATAG TAGATTCCAA 300

AAGGGAAAAT AAGTGTTAAG TTTTAAATGA TAAAAAAGAT TGGAAATGGAT CGTCTTGAAA 420  
 TGCTCCCTTC AAAGTTTTCA TTTTTTCAAT GTCGACTTCG AAGGGGGCAT TTTTATTAAA 480  
 5 TTGTTATAGC TTTTATATT TGTATAATGA ACATATAAGT TTAAGAAGGT GCGAGTGAAG 540  
 GAAATAAAAA AGCTCAAATG TACCAAATTG TTAATCTTAA TAAATCTCTA CTTTATAAAG 600  
 ATTGAATGGA CATTGAGCG TTAATCAGTC AGGAGGGACT TTCCCTCCTA CAATTTAATA 660  
 10 ATAATACTTG CTTCAACCACT ATACAAGGAG TGAGTTGTTA TGTTCAAAGT GAATTATTCTG 720  
 ATTTTAAGTT ATTATCCAGA ATATAATATC GCAGTAAGTT GGCAACGTTT AAGAGAAGGA 780  
 AAAACAATAA AAAACAAGAT TTAATACTGC TCGTCATGA GCGCCTTGAA CATTATTTGA 840  
 15 TGAATAAGTA TAATTTCAAC TATGATTATG CACATAAAAT TGTATCAAAA AAATACGATT 900  
 ATTCAATTTT TATAAAAaAG AAGGTGGATT AAATGCTTAC ATTAATAAAA TTGGAAAGAA 960  
 20 GATGaACAGG tTATAATATA TGrATATATA CCTGaAGATG aTATAAGTAC CGGGTAAAGG 1020  
 GTCCCGTACC TTTTAAATTA AAAAAGTTCC AGGGGGT 1057

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 558:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 3754 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 558:

CTGTGCTGTA TTTACTTTAA TTTGACGACA TTTGAGAAGT ATTATGATGG NTGTAGTTAT 60  
 TTTATGAAAG TAATGTATTA ACAATCGAAT TACTAAGTCT ATATTGGTAG GAATATCGAT 120  
 GTTTAGTTTA AATGGAATGC ACTATTTAAG TTTTAAATAT GGAGATGTTT GTGACTTTTC 180  
 40 GATGATTAAG ATTTTATAG GTGTGCATCA TTTCAAATAA ACTTTGTGTT TAAAATTGAG 240  
 CTTAGGAAAT CGATAGGTTT AGATGAGGAT ATTGTTGAAG TTATGTGTCT TGTATCCTTA 300  
 GTTGTATATAA AAGCGCAAAA AATAGCACCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG AAAGGATGCT 360  
 45 ATTATTGTAA AACAATAGTT TTAATTTaAT TTTCTGATaT ATCATATGTt ATTcTACCTG 420  
 TATCAATTTT TATCGAATTA TAACCATCAA AATTATCAAC TTTATCATCA AAGTCTATCA 480  
 CTTTTCCAAT TAATATTTTA TTATTAGTAA GCGTTAATTT GACTAATTTG CCTATGTATG 540  
 50 ACTGTAAATT CATATTTAAT CACTCCTTTT TAATATACGG AACTACATGA AAACCAGTTT 600  
 TAGAATAATG AACCTTACCT AATTCGTTT CAATATATTT ACCATTCA CA TAAGATTTAC 660



	AAACTGGAAT	ATCAATAAAT	TCTTTTTTAG	TCATCTTTTC	ACTTTCATTA	GAATCTATTA	780
	TAGTATAACT	TGGTAATAAA	GATGAATTAT	TTTTCTTATT	ATTATATTCA	TTTGTGCATA	840
5	AAATATGACG	CTTTTGCTTA	ACATTATTCA	ATTTCATCGT	CATTTTACCA	TTACTTATCA	900
	TTTCAAGCAT	TTCTTTTTTA	GCTTTTTGTA	GAAAGGATGC	TATTTTGTA	TTATTTTAAT	960
	AATCTAATAC	TTTTTATCTC	AGTTTCATCA	AACGAATAAA	CAGCAAAATC	AGTCTGTATA	1020
10	TCTACAACAA	GATTTCCGTG	TTCGCTCTCG	AATTCATTTT	CATAGTCAGT	TACAAACCCT	1080
	TCGTATTCTT	CATTATTCAA	AAGCGTGATA	ATAACATCTT	TACGATATGC	ATCTnCAATT	1140
15	CTCAATACTT	TTCACCTACT	TATCAATATA	AGGTACTATA	TGAGcACCTG	GTCTTCGAAT	1200
	AATGGCACTT	cCCTTTCTGG	TTTCAATATA	CACATTTTCG	ATATGTATTT	TTCCAATAAT	1260
	TTGATTAAAA	TTAATAATCT	CTTTCAAATC	AAATCGCTCA	TCACTTAATA	TTAGATTGCC	1320
20	TGTTGACATT	TTTTCTCTTA	ACAATTCATT	CAATAAATCT	ATAGAAAGTA	TTGTATAGCT	1380
	AGGCAATTTT	TTATTATTTA	AAATGGCTCT	TTTTTTATTT	TCATTATATA	GGTGATGACC	1440
	TAACATATAT	CTATTTTATT	TTCCGCAATT	TATTTCTATT	TTTATTTTAC	CATTTTTAAT	1500
25	CATTTCTTTC	ATCTGGTTTT	TAGCTTTTTc	CTGtAATTAT	GCTTCTTTTA	CTTCTACTTG	1560
	ATATTTACct	TCACGCTCTT	TAAAGAACTT	GTCCCGCCAA	TTGCCAACAT	GTGGCACTGT	1620
	GGTACTTCTA	CACCAAGGAT	GCATAGGTGG	CGCATTCACA	CCTGGTATCA	TATCTTTAAC	1680
30	TTTAAATATT	TTTCCGTTAA	GTGAATGACA	TAATTTAGAT	GTTTTACTAT	CTATTTTGGC	1740
	AACATATTTA	TATTCGCCAT	CTTCACCAAG	TTCTTTTAAA	TATGTAACT	TTTGTGCTTC	1800
35	TGCATTTTCA	GTAAATAGTT	AAAAAAGCGT	ATAAAAATAG	CACCACTTTC	TCTTTAkCTG	1860
	TCTAAAAAGG	ATGCTATTTA	TCTTTTGAAT	TTGAATTCIT	TTTCGCTTTT	TCTATACTTT	1920
	CAAATTCCTC	AACTAATTCT	TTAAAAGATT	CACTCAATTC	TTTTGCAGTT	ACATTTCCAT	1980
40	CTAATTGTGA	ATCTAACATA	ATTAAAATCA	TCTCACTTTA	TATTTAATCa	TATTTATACT	2040
	ATAAAGTTTT	TTCAATAATT	TTTCAATATG	GCTATCATTa	ATGATATTAA	TATGCGTAAA	2100
	ATATTTAGCA	CAAAATTTAC	TCACTATTTT	ACCATGAAAC	CTATTTGACT	TGGTAATAAA	2160
45	TTTTACTTGT	CCCTTATTAG	TAACGATTGT	CATTGATTTT	ATTGATGGAT	GCTTAAAAAA	2220
	TGTAAATAAA	TCATATTCTG	AAAATCCTGA	CTGTCCAGGA	TGGTTATGTA	ACATAACAAT	2280
50	TGAATTCGGT	TTACTGTATA	ATAATAATTC	GGTTGCTTGT	TACCCTGGCA	CAAAAGATAC	2340
	ACTATCTTGA	TTGACATATA	CTTTTGTA	TTTACCATCT	TTTAACAAAT	AAGCTACTTC	2400
	ATTGCTATCA	TTGTTTTCCA	TGAGATATAC	CTCCGTTTAT	AGtCTGTCCA	CTGATATTCC	2460

55

GAAGGTAAA ATTTTAAAG TAACTTTCT TTATCCCAT GCTACGAGTT CAGATTCAGG 2580  
 AAATAGCCCT TTACTAGTAT TTATGTATAT TCTGTCTATG GCATGAATAA AATAATTATC 2640  
 5 TCTTGTATTT TTTTCTAAAC TAGATTTTTC AGCATTGATA ACTTCAAGAC TATCTATATC 2700  
 CATTGAATA ATACCAGGCT TAATATTTTC ATCATTATTA GGAAATATT TATATGTAAC 2760  
 ACTTTTATCA TTAATTTCTT TTATTTTAA TATTAGCAAT CATTCCACC TCTAATTAAT 2820  
 10 TAAATACTA TAATTATATT TTATTTCTGT AAGTTTATGT GCCTCTATAT AGTGTAATT 2880  
 ATACTTATTC ATTAGATAGT GTTCAAGAGC TTCATGTTTC TACATTATTA TATCCATTTT 2940  
 TTTAATATTT TTCCCTTCTC TTAAACGTTG CCAACTTGA GCCATATAAA AGTCAGGATC 3000  
 15 AAATTGTTTA AATCCACTTT CTAATAAATA CTTATTTTCA AATATATGTT CATAAACTCT 3060  
 TTGAATAAA TTTTATTTA TATTAGTATT TTTAGCAATT TTAGAAATCT CTATCTGTTT 3120  
 20 ATCTCGATTT CTAAGTGAAT TATAATAAAT TTGAGCATGT CTGTTCCCTT TGATACCGTA 3180  
 TTCATCACTT TTATTATTAA GTGCACCTGA TTCAATAAAA CAACCTTCTA CTTGATATTT 3240  
 ACCTTCACGC TCTTTAAAGA ACTTGTCTCG CCAATTGCCG ACATGTGGCA CTGTGGTACT 3300  
 25 TCTACACCAA GGATGCATAG GTGGCGCATT CACACCTGGT ATCATATCTT TAACTTTAAA 3360  
 TATTTTCCG TTGAGTGAAT GACATAATT AGATGTTTTA CTATCTATTT TGGCAACATA 3420  
 TTTATATTCG CCATCTTCCA CCAAGTTCyT TTAAATATGT TAACTTTTGT GACTCtTCyT 3480  
 30 TTTCAACGAA TAATGAAAA AGCATATAAA AATAGCATCG CTTTCTCTTT ATCTGTGTAG 3540  
 AAAGGATGCT TTAATACCaT GCTATTTTAT AATTTTcGGG AAATTcTTGC TTCTCGATAA 3600  
 AGTCTCTTAC TACAGAAAA GACTTATTAC GATATAACAT AAAATATTCT TCATTTTCTA 3660  
 35 TTTAGATAA TGAGAAATCT ATAACCTCTG CATCTTTTTT ATTAAAAGTT ACTGAACCTT 3720  
 TACCGTACT TATATCATCT TCAGGTATAT ATTC 3754

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 559:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 815 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 559:

ATTTAACTAA AACTATAaAT AATCAAATGA TATTGGAAGA TATTaGCATA GATATCGAAA 60  
 AAGGTAAATT GACTTCTTTA ATTGGACCTA ATGGTGCGGG TAAGAGTACT TTACTTTTCAG 120

	CTGATTATAA AAATAATGAC TTGTCGAAAA AAATATCTAT ATTAAAACAA ACAAACCATA	240
	CTGAAATGAA TATTACGGTA GAGCAGTTGG TAAACTTTGG ACGATTCCCT TATTCTAAAG	300
5	GTCGTTTGAC GAAAGAGGAT CATGATATTG TCAATGATGC GCTAGATTG TTGCAACTAC	360
	AAGATATCAG AAATCGTAAT ATTAAGTCAT TATCTGGTGG ACAACGTCAG CGTGCATACA	420
	TTGCAATGAC AATAGCACAA GATACTGAAT ATATTTTGCT AGATGAACCA TTAAATAATT	480
10	TAGATATGAA GCATGCTGTT CAAATTATGC AAACGTTAAA AATGTTAGCG CATAAAATGA	540
	ATAAAGCGAT TGTCATTGTG TTACATGATA TTAACTTTGC GTCCTGTTAT TCAGATCAGA	600
15	TTGTAGCATT GAAAAACGGA CAACTAGTTA AGTCAGATTT GAAAGATAAT GTCATTCAAA	660
	GTAGTGT TTTT AAGTGATTTA TATGACATGA ATATTCAAAT TGAACATATA AGAAATCAAA	720
	GGATTGT TTTT ATATTTTAAG GATTGATAAT TTGGAGaCAC TTTAAAGGGG TGATGCGCCA	780
20	ATTAAAGAAG GGTAAACGT AAAGCATTTA TTTAT	815

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 560:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 919 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 560:

	GAAACGAATA ATAAATTTAC TGAGTTATTA GTTGAAAAAG CTAATAAACA TGATGATGTT	60
35	CTCGATAmGT TGATTAAATAT TTTAAATAAA GCGATACACA CTAATAAAAT TGTATTATTA	120
	TTATGTTnAA TTGACnCCTC CTAATTTGC AAAGATAGCA ATTTAGGAGG CGTGT TTTATT	180
	TTTATTGACG TCTAACTCTA AAAGATATAA ATTAGACATT TACAAATGAT GTAAATAACG	240
40	CAATTTCTAT CATCGCTGAT AACAAATTCAT GGTTTAATAT GCAATGAGCA TATACTTTTT	300
	AAATAGTATT ATTCAC TAGT TTTAACAATC AATTAATTGG TATATGATAC TTTTATTGGT	360
	TATTTTATC CCATAGTGTG ATAATTACTA TTTTTCATTC ATAATAAAGG TTTAAAGCAT	420
45	GTTAATAGTG TGTAAGATTA ACATGTACTG AAAACATGT TTAACATAAT GATATAAGGA	480
	GTGACGTACA TGATCCGTCT AGGTAAAATG TCAGATTTAG ATCAAATCTT AAATCTAGTA	540
50	GAAGAAGCAA AAGAATTAAT GAAAGAACAC GACAACGAGC AATGGGACGA TCAGTACCCA	600
	CTTTTAGAAC ATTTTGAAGA AGATATTGCT AAAGATTATT TGTACGTATT AGAGGAAAAT	660
55	GACAAAATTT ATGGCTTTAT TGTTGTCGAC CAAGACCAAG CAGAATGGTA yGnyGACATT	720

TATAAAGGAG CTGCTACAGA ATTATTCAAT TATGTTATTG ATGTAGTTAA AGCACGTGGT 840  
 GCAGAAGTTA TTTTAACGGA CACCTTTGCG TTAAACAAAC CTGCACAAGG TTTATTTGCC 900  
 5 AAATTTGGAT TTCATAAGG 919

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 561:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 518 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 561:

ATCATATAAA CCGGCTGCTT CTAAAAACGA AAATACTGTT ACTGGACCTA AAAATTTAAA 60  
 CCCGTATTGT TTTAAATCTT TAGATAGTTG TGTTCAGTA TCATCAACTG TGATACGATC 120  
 AGAAGCATGT TCATACTGCA AATCTTTAGG CTTACCATT ACATATGACC ATAAAAATTT 180  
 ACTAAAACTA CCATATGCTT GTTCAATTTT TAAATACCCT TGAGCTTGAT TAACAATTGC 240  
 TTCTAATTTT TTACGATGAT GAACGATATT TGGAAAAGTC ATTAAGCGGT CGATATCTTG 300  
 AGCGGTCATT TGTGCTACCT TTTCTGGTTC GAAATCATAA AATGCTTCTT CATAGGCTTC 360  
 TTTCTTTTTT AAAATAGTTA ACCAAGATAG CCCAGCATGT TGTGATTCTA ATGCTAAAAG 420  
 TTTAAACAAT GCCTTGCAAT CATAGAGCGG TTGTCCCAT ACATGGATCm TGATAGTCTA 480  
 AGTAGACTGG GATCTTTAGT ACCAAATGCG CATTCAAT 518

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 562:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1539 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 562:

CTTATTTAAA AGTAAATCAA TCAATGTATT ATAATCCGAA TAGTCCGCAT AAAGCTGGTT 60  
 TGCaGGCAAA tCAATTACTA CAACAAGCAA AAACCCAAAT TAATGCAATG rTTaATTCAA 120  
 AAACAAATTA TGATGTTGTA TTCACTAGTG GTGCacTGAA TCCAATAATC TTGCTTTAAA 180  
 AGGTATTGCC TATCGTAAAT TTGATACAGC GAAGGAAATA ATTACATCCG TGTTAGAGCA 240  
 TCCGTCCGTA TTAGAGGTTG TAAGATATTT GGAAGCACAC GAAGGATTTA AAGTTAAATA 300

	CAAAGTCGGT TTAGTAACAT GTATGTATGT AAATAATGTA ACTGGACAAA TACAGCCTAT	420
	TCCACAAATG GCTAAAGTTA TAAAAAATTA TCCTAAGGCA CATTTTCATG TAGATGCGGT	480
5	TCAAGCATTG GGCAAAATTT CAATGGATCT CAATAACATA GATAGTATTA GTTTAAGTGG	540
	ACACAAGTTT AATGGTTTAA AAGGACAAGG CGTCTTACTT GTAAATCACA TTCAAAATGT	600
	TGAACCAACT GTCCATGGTG GTGGTCAAGA ATATGGTGTT AGAAGTGGAA CAGTTAATTT	660
10	GCCAAATGAT ATTGCAATGG TTAAAGCGAT GAAGATAGCT AATGAAAAT TTGAAGCATT	720
	GAATGCATTT GTTACTGAGT TAAATAATGA CGTCCGTCOA TTTTAAATA AATATCATGG	780
15	AGTTTATATT AATTCTTCAA CTTCAGGTTT ACCATTCTGT TTAAATATTA GTTTTCCTGG	840
	CGTAAAAGGT GAAGTATTAG TTAATGCTTT TTCAAAATAT GACATTATGA TATCTACGAC	900
	AAGTGCTTGT TCATCTAAAC GTAATAAATT AAATGAAGTA TTGGCTGCAA TGGGATTATC	960
20	AGACAAATCT ATTGAAGGTA GTATAAGATT ATCATTTGGG GCTACTACAA CTAAAGAAGA	1020
	TATAGCGAGG TTAAAGAAA TATTTATCAT CATTTATGAG GAAATTAAGG AGTTGCTAAA	1080
	ATAATGAAGT ATGATCACTT GCTTGTTAGA TACGGGGAGT TAACATTAAA GGGTTCAAAT	1140
25	AGAAAGAAAT TTGTAAATCA ATTAAGAAAT AATGTAAATA AGTCATTAAA AGGACTTGAT	1200
	GGGTTTGTCT TTAAAGGCaA ACGAGATCGT ATGTATATTG AACTTGAAGA CCATGCaGAT	1260
	ATAAATGAAA TAACATATCG ATTATCAAAA ATTTTCGGTA TTAAATCTAT TAGTCCAGTA	1320
30	TTAAAGTAG AAAAAACAAT AGAGGCAATA AGTGCAGCGG CAATTAAATT gCGCAGaATT	1380
	TGAAGaAAAC AGCACATTTA AAATTGATGT GAAGCGTGCC CGATTAAAAT TTCCCCAATG	1440
35	GATACGGTAT GGAATTACAG CGTGGAATTG GGGTGGTGCC AGTATTGGAG CACTTCGCCA	1500
	TATTTCAGT GGATGTCCAA CGTCCCAGnC CCAGGAATT	1539

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 563:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 968 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 563:

40	ATAnCGTATA CATGTGTTCT TTAAATTGT GATAAGGAGT TTAGGATGGT TTATTTAAAA	60
50	TCAATAGATG CCATTGGATT TAAGTCTTTT GCAGATCAAA CCAATGTTCA ATTCGATAAA	120
	GGTGTAAGT CAATTGTTGG TCCAAATGGA AGCGGTAAAA GTAATATTAC AGATGCTATT	180

55

ATCTTCTCAG GTGCAGAACA TCGCAAAGCT CAAAATTATG CTGAAGTACA GTTAAGATTa 300  
 GATAATCATT CTAAAAAGCT CAGTGTGAT GAAAACGAAG TTATTGTAAC AAGAAGATTG 360  
 5 TATCGAAGTG GTGAAAGTGA GTACTACATA AATAATGACC GTGCAAGATT AAAAGATATT 420  
 GCCGATTaT TTTTAGATTc TGGATTGGGA AAAGAAGCGT ATAGCATTaT CTCGCAAGGT 480  
 AGAGTTGATG AAATACTAAA TGCTAAACCA ATTGATAGAC GTCAAATTAT TGAAGAATCG 540  
 10 GCTGGTGTAC TTAAATATAA AAAACGTAAG GCTGAATCAT TAAATAAACT TGACCAAACA 600  
 GAAGATAATT TAACGAGAGT AGAAGACATT TTATATGATT TGGAAGGTCG CGTAGAACCT 660  
 CTAAAAGAGG AGGCAGCTAT AGCTAAAGAA TATAAGACAC TTTACATCA AATGAAACAT 720  
 15 AGTGACATTG TAGTTACAGT sCACGATATT GATCAATATA CAAATGACAA TAGACAATTA 780  
 GATCAACGTT TAAATGATTT ACAAGGCCAA CAAGCAAATA AAGAAGCTGA CAAGCAACGT 840  
 20 TTAAGCCAAC AAATTCAACA ATATAAAGGT AAACGTCATC AACTTGATAA TGATGTTGAA 900  
 TCgCTTAATT ATCAATTAGT AAAAGCTACG GAAGCCTTTG AAAAATATAC GGGACAATTA 960  
 AATGTTTT 968

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 564:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 436 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 564:

TTGTGTGTAT GCATTCAATG TGCTCTGTTT GTAAATGGCT AGCTATATAA TTTAgGATTc 60  
 GAGGATCGTC ATCGACAACA AGACATTGCA CCATAGCTAT AAACCTCCCTT ATCTTTTTCA 120  
 40 TTTATTATAC ATGTAAAATA TTTTTCGTA AAAAAACAAT TGTTCAATATT GAGTTCATAT 180  
 TTCAACCTTA TACTGACGCT AAAGAAGAAA TAGGGAGAAG TGAATCGATA TGAAATTAGC 240  
 GATAAAAGAG ATTATGTTTT ACAAATTTcG TTATATTTTA ATCACATTAA TCATTCTTTT 300  
 45 ATTAAGTATT ATGGTGTTAT TTATTAGTGG TTTAGCTCAn GGGCTTGGTA GGGaGAATAT 360  
 TTCGTWATTT GAACACTTTG GATAATGATG aaTATGtTGT TCaAAAAATG AAAGAGCCGC 420  
 aaATTGaGAA ATCGCA 436

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 565:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 2554 base pairs

(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

5

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 565:

	ATGTTTGTGC AATATCAATT GTTTGAGATA AATCCGCTTG TATAAACGA ACTTTATCAT	60
10	CATTAAATTT GCTAGTTAAT TCATTTATAT CAGTACGATA ATATTGCACA TAAACTTCAA	120
	ATCCATCAGT TAATAATTGT TTGACTATCT CAGAACCAAT TGAACCAGAA CCACCTAATA	180
	CTAATGCTTT CATTACTTTT TAATCTCCAA ACGACTATCG ACTTGCTGAT CTAAATTTAA	240
15	ATATAACGAT GACGTTTCGT TAATACTATC TAACGTGATA TTTTCAACAA TGTCTAACAT	300
	GTCAAACACG CTAACACCTT CAAAATACAA TTTAGTATAT TGATTAGCAA TATATTCAGG	360
	TGAGTTTAAA CTTGATATGA ATTCACCTAT AAATTGCTTT TTCAAAAGTT CAAATGCTTC	420
20	TGCATCTTGG AAATGCGCTT TTTTATCAGC CAACTCATCT AATAATAATT TTTTAAATTT	480
	ATCTGGTTCT TCAGTAGCAC TTGTCACGAT TGAAAACTA TACGTCGGCT CTAGTACAAA	540
25	TTGATAACCA AATGTATCAT CGATAAGTCC TTCGTTTAAAT AAATTCTGAT AAAAATCTGT	600
	TTCTTCCCCA AAAATTAAGT CAAAGAATAA TGACATTTCT AAATCACGTT GTACATATTT	660
	TTGAGGCGCT TCTTGTAATG GTTTATTTTT AAAACCAAGC ATTAGTCTTG GTGATTGAAT	720
30	TTTCATAGAT TCAGTAACAA ATGCTTCTTT AACATCCTCC GGTTTCATCA CAAGTCCTCG	780
	TTCGATTTTG GGTGGTTAA CTTTATTACG AGCATCCTCG TGTGTTTAA CTATTCgACA	840
	TATTGCTTCA GGATCCACAT CGCCAACAAC AAATAAAACC ATATTGATG GATGATAAAA	900
35	CGTTTCATAA CATAGATACA AATCATCTTT TGTAATATCG TATATACTTT CTACACTACC	960
	GGCAATATCA ACACGTATTG GATGTTGTTG ATACATTGCA CGCAATGTAT TaaACATTAA	1020
	TTTATATCCA GGTGCTCTT GaTACATTTT TATTTCTTCT GCAATAATAC CTTTTTCTTT	1080
40	ATCAACAGTT TCTTTTGTA AATAAGGCGT TTCaACCATT GTAAGTAAAC GTTTAATGTT	1140
	GTTTTCAATA TlATCAGTTG CACTGAACAA GTAGCTTGTA CGATCAAAGC TTGtAAACGC	1200
45	ATTTGCTTGT GCGTTATCTT CAGCAAACGC AGTAAATAAG cTTCTTCTTC TTTTCAAAT	1260
	AATTTATGTT CcTAAAAAGT GAGCAACTCC ATCAGGTACA GTAACAAATT GGTCTTGTCC	1320
	AAGGGGTTTG AATTGATTAT CTAATGAACC AAATTGTGTA GTGTAAGTGA CAAATGTCTT	1380
50	TTGAAAACCT GGtKGGGGA TAATAAATAA TCGTAAACCA TTTTCTAATt CTTGTTGAA	1440
	tACTCTTTTCG TCTATTAATT CATAATAACG CTCTTTCATT ATTTATCCCC TCCTTTTGTG	1500
55	AACACATAGA TtGTATCTAA AAATGCTTTT TCAGCAACAG AAACAATATC TTCGCGACTT	1560

TTATGCATAA TCTCTATAAT ACTTTTCGGA CGATCTTCAG ATTCATATCG ATGAGAAATG 1680  
 ATTACTTTTT TAGCTAACTC TAATTTTTCT TCAGTGAAAT CTCCTGCTTT TATTTTTTCA 1740  
 5 AATTCACCTTA TAATAGTGTC TTTTGCAGTT TCGTACTTAT CACTTGAAAC CCCACTCAAA 1800  
 ACAATAAAT AGCCATTTTT GCCATCAATT TGTGAATGTA TAGAGTACGC TAAACTTTGC 1860  
 10 TTTTCTCGCA CTTCAATAAA TAAACAGAT GAAGGATCTC CTCCAAACAT CATGTTAAAT 1920  
 ACAACAAAGG CAGCATATCC ACTTTGTCCA TATTGTGTTG GAAAACGGTA TCCCATATTT 1980  
 AATTTAGCTT GATCCACGTC ATCATATTCA ACAATATAAT CAACTTCTTC ATCGTGTAAT 2040  
 15 TGATGAGTAG AATGTTGGAA TTGATGTTA TCGAATGGTT TAAGTGCAA TTTTTCACGT 2100  
 ATTGTTTTCT CAACACTTTC AGGTCTACA TTGCCGACAA CATAAACAGA ACATTGATCA 2160  
 TTATTAATCA TTGATTGATA TGTATGATAT AGTGTTCAG CAGTAATATG TGGGATTTGT 2220  
 20 TCTAGTTGTC CTGTAGATAA GTATTATAT GCTTCATTTT CAAACATATG GTCGAGTAAT 2280  
 TTTAAAACG AATATTGTGC TTTATTATCT ACCATTGCTT CTATTTTTTT GGCTAATAAT 2340  
 GTTTTCTCTT GGTAAACAAA ATTATCATTG AATGCTTTAT TTTCAATTAA TGGATTCCAA 2400  
 25 ATGATTTCTT GtAATAAATC TAATCCTGa TTAATAATG AwTCACCGkT TcyTAAATAA 2460  
 CGkkCaTTAA caATTyCTAA tGaAAATGtA ATgACaTGCT GaTCTTTGAA TTTTGAAATT 2520  
 30 GTACTATTCA CATAACGACC ATATAAATCG GCTA 2554

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 566:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1424 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 566:

TnTCGCTATT TThAATTGGT TTTGTATGGT TTAAGTTATA TCAATATACA ACAnACCCTA 60  
 45 AAGCTGATAT CCCAGGTATC ATTTTITAGTA CGATTGGTTT TGGTGCTTTG TTATATGGTT 120  
 TCTCAGAAGC TGGCAACAAA GGTGGGGTT CAGTAGAGAT AGAAACAATG TTTGCGATTG 180  
 GTATTATCTT TATTATTCTA TTCGTTATTA GAGAATTAAG AATGAAATCA CCAATGTTGA 240  
 50 ATTTAGAAGT ATTGAAATTC CCaACATTTA CATTAACAAC AATTATTAAT ATGGTTGTAA 300  
 TGTTAAGTTT ATATGGTGGT ATGATTTTAT TACCGATTTA TTTACAAAAT TTACGCGGAT 360  
 55 TcTCAGCATT AGATTCCGGA TTGTTATTAT TACCTGGTTC TCTAATTATG GGTCTACTAG 420



	TTGCTGTAAT GACTTATGCA ACATGGGAAT TAACTAAATT AAATATGGAT ACACCATATA	540
	TGACAATCAT GGGTATCTAT GTACTTCGTT CATTGGGTAT GGCATTTATA ATGATGCCAA	600
5	TGGTAACTGC AGCTATTAAT GCGTTACCGG GACGACTTGC CTCTCATGGT AATGCTTTCT	660
	TAAATACGAT GCGTCAATTA GCAGGCTCTA TAGGTACAGC AATCTTAGTT ACTGTAATGA	720
10	CAACACAAAC TACACAACAC TTATCAGCTT TTGGGGAAGA GTTAGATAAA ACGAATCCTG	780
	TTGTACAAGA TCATATGCGT GAATTAGCAT CACAATATGG CGGACAAGAA GGCGCAATGA	840
	AAGTGTACT ACAATTTGTA AATAAACTAG CAACGGTTGA AGGTATTAAT GATGCATTTA	900
15	TAGTTGCAAC GATATTTAGC ATCATCGCCT TAATTTTATG TTTATTTTAA CAAAGTAATA	960
	AAAAAGCAA AGCTACAGCT CAAAAGTTAG ATGCAGATAA TAGTATCAAT CATGAATAAA	1020
	TAAATAAAT TAATTGAAGT GTGACTAATC AAAAATTATG TTGTGGGGAC ATGATTTTAA	1080
20	AAGTATCGGT GCCAAATATG GTTATCGATA CTTTTTTTAT TTGTTGATTT ATAGAATGTT	1140
	AGAGGAATTA TATTAAAATT TGGCATTGAC GTAGTAGGTC ATTAATAAAG AAAAAGCAGG	1200
25	AAGTGGGTCA ACGAAATGAA TTTTGTGAAA ATAACATTTC TGTCCCAATC CCTACTATAT	1260
	AACATTATTT TAAACGAGGC ATGCGATTAC GGAAGAATAA GCTTATAACA AGTAAACCGA	1320
	TGCTACAGCC AAGTAAAATG ATGCCGTTAT GAATAGCGTC ACTTgCTGTA ATCACTTGAT	1380
30	CTGGTGGTAC ATTTAAATAA TATTTTTTGA AAACATCTGC AATT	1424

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 567:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 676 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 567:

	TCTCCCATGT TCTGCTAAAT GACGCATCAC TTTTACTTCA TGAGGCGTCA ATACACGTCC	60
45	TTCACCAGCA TTCAAACCGA CAACATTTAA AGGCCCATAT TCAATACGAG ACAGTTTCGT	120
	CACTTGATGA CCAAATGTT CGAACATTCT TCTGACTTGG CGATTACGAC CTTCTGTAAT	180
	TGTAATTTCA ACCAATGTTG TGTTTTTATC TTTATCTTGT TTCTTAACTT TCACTTCAGC	240
50	CGGTTGCGTC ATACCATCTT CTAATTCAAT ACCTTTTTCT AGCGCTTTCA CTTCTTCTCT	300
	CATTAAATAA CCTTTTAATT TCGCAACATA TTTTCTTAA ATTTGATATC TTGGATGTGT	360
55	CATTAAATTA GTAAATTCAC CATCATTTGT GAGTAATAAC AATCCAGAAG TATCATAGTC	420

ACGTCCTCTA TCATCAGATA CACTTGtKAT CACTTGAGTT GGkTTATGGA AAAAAATGKA 540  
 AAtTTTGTCT TCTAGTTCTA TTTTAATACC TTCAACTTCA ATCGTATCTG ATGGCTTCAC 600  
 5 TTTTGTTCCT AATTCAGTGA CAGTCGTACC ATTCACTTTC ACTTTTCCTT CAGAAATTAA 660  
 AGTTTCTGCC TTACGT 676

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 568:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 568:

20 GAAACGGTTC TACCAAAAA CAGTAAGGGC TAAACCCAAT CATGGTAAGA CAAAAAGTAC 60  
 AAATAGCCAT GCCCAAGTTG AACTCGCTGT ACGCCTATTT CTTTCTAAAA AGATAATAAT 120  
 AAAAGCCAAT ACTAAATTAA TGATGAATCC AATGGCTAAA ATAATAGTAA ATAACGTTCC 180  
 25 TAAATCGTTT GAAAATGTAA ATCGCATAGT CTTTTCTCCT ATAAAGAAAG GCACAAAAAA 240  
 ACATTTTGCA CCTTTCACGT CATATTATTT ATTCACAGAT AAAGTTAAAA TTGcATTGAA 300  
 30 TTCTTCTTCA TTATTTGGGA ATGTTCTTTC TTCTATTTCT TTAATAGTAA TATTTACTAA 360  
 TTTTAAATTT GTAGCTTCTT CAGAACTTAA AAAAGCATTA ATGTTTTTTT CTAATAACTC 420  
 kAAAGTCTCA GCTGtAAAaG TTTTAAGTTT AATT 454

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 569:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 894 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 40 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 569:

45 ACGATATTAC CACCCTCTGA AATAACATCA ATCATGTGAT CTGTAAAGTC CCAAGGATGA 60  
 CTTGTTGTGA AACGAActCT TGGAATCGCT ATTTTAGAAA TTGCTTGTA AAGATCTCCT 120  
 50 AAGTCATATT CTATATCCTG TAAATCTTTA CCATAAGAAT TTACATTTTG ACCTAAAAGC 180  
 GTTATTTCTT TGTAACCTTC ACGAGCAAGT TCACGTACTT CATCTATAAT GTCTTCAGGT 240  
 CTACGGCTTC GTTCTTTACC TCTTGTAAT GGAACAATAC AATATGTACA AAActTATCA 300

TCAATAACGT CTCCTTCTTT AGACCATACT TCAACAACCA TTGCTTTAGA TAAGTATGCT 420  
 TCTTCTAAAA TTTCTGGTAA ATGATGAATA TTATGTGTAC CAAATATCAT ATCTACATTT 480  
 5 TGATACGATT TTAAAAATTT ATTCATACT GACTCTTCTT GTGACATACA ACCACAAACA 540  
 CCGATTAAAA TATCAGGTCG TTCTTTTTTC AAATrCTTCA AATTACCTAT TTCCTAAAC 600  
 ACTTTGTTCT CGGCATTTTC TCTAATCGCA CATGTATTAA TTAAAATAAC ATCTGCAGTG 660  
 10 TTAATATCAG TCGTkGCTTG aTAGCCTAAT GCyTcmAGTA TACCAGCAAT GACCTCAGTG 720  
 TCATGTGCAT TCATTTGACA TCCATATGTT TTAATTAAAA ATGTACGCTC GTTCCCCATA 780  
 15 CCGCGATATT TTyCATCAAT TtGGgAAATC nCTATTATAA CGAACTTCTk GTtTACCnCC 840  
 TTTTTTnCGC TCCTTTAAAA TTAAGGCGGC TGATAAACAG GTCCAAAATA TTAC 894

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 570:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 441 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 570:

30 TATCAATCCC ACAGCACATG CTGAACAAGA TCAAACATGG GAGAAGATTA AAGAACGCGG 60  
 TGAACCTAGA GTGGGTCTTT CTGCAGATTA TGCACCAATG GAATTTGAGC ATACAGTTAA 120  
 TGGTAAGACT GAGTATGCAG GTGTAGATAT TGATTTAGCT AAAAAAATTG CGAAAGATAA 180  
 35 TAATTTAAAA TTAAAAATCG TCAATATGTC ATTTGATAGT TTGTTAGGAG CTCTTAAAC 240  
 TGGAAAAATT GATATTATTA TTTCCGGAAT GACTTCAACG CCTGAACGTA AGAAGCAAGT 300  
 TGATTTTTCA GATTCAATATA TGATGACTAA AAATATCATG CTTGTAAAGA AAGATAAAGT 360  
 40 TAATGAATAT AAAGATATcm AAGACTTTAA TAATAAAna GTnGGGGCAC AAAGGGACTG 420  
 AACCAGAAAA AATCGCTCAA C 441

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 571:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1205 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 571:

	AAGTCGTTCA TCTTTTCTA CAAGGGTGTA AAAATAATCA ATCATATCGT ATAACGCTTC	120
	TTTACCAATG ATGTCATATG GTGTTGTTGT CATTTAATCA CCCATTTTCA AAAATTTACT	180
5	GTTACGAACT TAAGTTAATA TATAACTAAT ATAACATGAT TTTAAACATT TGAAAGAAAT	240
	ATGCATATTT GCCAATTTAA TTTATATTGT TTGAAAGTGT TTCTTTTTC TTGAAAAAAC	300
10	GTTGAACTTT ATTTAAAGGT tGATGATGTT CGAGGTTTAG TTCGTTtAAT AAAGATTGGA	360
	ACTTTTGTAAC ACCTTGATTA TAGTCTTTAA CTTCGAACTC TAACTCATAA TCCGTAGTAT	420
	CGAAATACTC ACTTTTATCT AAAACCAGTA AATCACCTTT ATATTTAGTT TCTTGGCGAT	480
15	ATGTCGTTAA TGCACCAAGT ATTGATAAAG TTGTATCTTT TACACCAAAC TGTTCAACTA	540
	TAATTTGACG AATGTCATCT GGAAGATTGT CGTTTGAAAT AATCAAGTTC ATCTCTGGTT	600
	TAATGTCGAC GATATAGTTG TATTCTAATA GACCAACCTT TGCTGGTGTC TTTAAAGTCA	660
20	TTTCATATTG ATTGTCTTTA ACTCTTATGC GTAGTGCAGA GCGATGTTCC TTTAATTTGA	720
	AATCGGGTGT ATCAATATAG TAATTGACTT GCTTAmAAAG CACACTGTCT TTAAATATT	780
25	TCTCTTGCAA TTTATTATAG ATTGAtGCAG TTATCATTTG TtTAAATTCT ATtTCATGAT	840
	TTGTTGCCAT GATATGTATA CACCTCGTAT CAAATTCAAT TTATCTTAAC TATATTATGA	900
	ATGACAAAGT TGAATTTTAA AAGTAATTC CTTTATCTAT TATCAATGTT AATTTGACCA	960
30	TTAAAAATAG TGTCGTAAG TGTTTTGTAT TATTGaATTG TGTTAAATG TTATGGAATA	1020
	AGAGGAGGAT TAAGCATGsG TTTWTATATT AATGAAATTA AAATTAAAGA TGACATACTT	1080
	TATTGTTATA CAGAAGATTC TATTAAAGGA TTATCTGAAG TAGGACAAAT GCTCGTTGAT	1140
35	AGTGATAATT ATGCCTTTGC GTATACATTA GATGATGGTA AAGCGTATGC TTATCTCATT	1200
	TTCGT	1205

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 572:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 570 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 572:

50	TGAAGAAATA GCAATGATGA AATGCCGTAT GTTATATGAG ACGGGGTCAT TTCTTGAATT	60
	AAGAGAAGAA ACAATTGTCT TATTGAAAAC TGGCATACAA CAATATGATG CATTGATGAT	120
55	TTATTACGTG AAAAGTTTGA TTGGTTTGGG ACAATATTTT GAAGCGGTAG AAGTAATTCA	180

ATTTGCTAAG TCAAAATTAA TTGAAGATGA AAAACGATTG ACTCAGTCAT TAGCTGATTT 300  
 TGTACGTTA TCAATGAGGG AACAGACGCA CTTGATTTTG AAGTTAATAG ACAATGGTCA 360  
 5 TTTTCAATTT CAAGAAACGG TATTATATAT ATkAAaAyCT AATaCGTACa GTtATAACCT 420  
 CATTAGTTTA ATGATTGAGT ATTTAAGGTT CGCAAATTGT ACACAAGAAC TGACAATTGA 480  
 10 AAAGTATGGT ATGGATGTAA CTTTTGTACC AGCTAATTTA AAAGGGCTAG AACATACAAC 540  
 ACTTAAAGAA AAAGTTATAC CTAACGTTAT 570

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 573:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 939 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 573:

GTTGAATGGT TAGCAGCTGC AGTTGTATTA TATTTCTGTG GTGTAATTGT TGACGCTCAT 60  
 25 GTATCATTCA TGTCCTTTAT TGCAATATTT ATCATTGCTG CATTATCAGG TTTAGTCAGC 120  
 TTTATTCTCG GTGGTTTCGG CGCTTTCGAT TTAGTTGTAT TACTAGGATT TAAAACCTTA 180  
 30 GGTGTCCCTG AGGAAAAAGT ATTATTAATG CTAATTCTAT ATCGTTTTCG GTACTATTTT 240  
 GTACCGGTAA TTATTGCATT AATTTTATCA TCATTTGAAT TTGGTACATC AGCTAAGAAG 300  
 TACATTGAGG GATCTAAATA CTTTATTCCT GCTAAAGATG TTACGTCATT TTTAATGTCT 360  
 35 TATCAAAAGG ATATTATTGC TAAAATTCCA TCATTATCAT TAGCAATTTT AGTATTCTTT 420  
 ACAAGTATGA TCTTTTTTGT AAATAACTTA ACGATTGKT ACGATGCTTT tATATGATGG 480  
 AAATCACTTA ACGTATTATA TTCTATtGGC AATTCATACT AGTGCTTGTT TATTACTTTT 540  
 40 ACTGAATGTA GTTGGTATTT ATAAGCAAAG TAGACGTGCC ATTATCTTTG CTATGATTTT 600  
 AATTTTATTA ATCACAGTGG CGACATTCTT CACTTACGCT TCATATATTT TAATAACATG 660  
 45 GTTAGCTATT ATTTTTGTTC TGCTTATTGT AGCTTTCCGT AGAGCGAATA GGTtGAAACG 720  
 CCCAGTAAGA ATGAGAAATA TAGTTGCAAT GCTTTTATTC AGTTTATTTA TTTTATATGT 780  
 TAACCATATA TTTaTTGCTG GAACGTTATA TGCATTAGAT ATTTATACGA TTGAAATGCA 840  
 50 TACATCTGTA TTGCGCTATT ACTTCTGGCT TACGATTTTA ATCATCGCTA TCATCATAGG 900  
 TATGATTGCA TGGTTGTTTG ATTATCAATT TAGCAAAGT 939

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 574:

(A) LENGTH: 1059 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 574:

GAATTAATTA	AATATTACAC	ACAGCCTCAT	TTTTCATTTT	CAAATAAATG	GCTATATCAA	60
TATGATAATG	GAAACATTTA	TGTTGAACTT	ATGAGATATT	CATGGTCAGC	ACATATATCT	120
TTATGGGGCG	CTGAAAGTyG	GGGAAATATT	AATCAGTTAA	AAGATCGTTA	CGTAGATGTG	180
TTTGGACTAA	AAGACAAAGA	TACTGATCAG	TTATGGTGGT	CTTATAGAGA	GACATTTACA	240
GGTGGCGTTA	CACCAGCCGC	AAAACCTTCT	GATAAAACTT	ATAATCTTTT	TGTGCAATAC	300
AAAGATAAAC	TACAAACGAT	TATTGGTGGC	CATAAAATAT	ACCAAGGCAA	TAAACCAGTA	360
TTAACATTGA	AAGAAATCGA	TTTCCGTGCA	CGAGAAGCGT	TAATAAAAAA	TAAAATATTA	420
TATAACGAAA	ATCGTAATAA	AGGTAAGCTT	AAGATCACCG	GTGGCGGTAA	TAACTACACT	480
ATTGATTTAA	GCAAAAGATT	ACATTCAGAT	CTAGCAAATG	TTTATGTTAA	AAATCCTAAT	540
AAAATAACTG	TTGACGTCCT	CTTTGATTAG	TATATGAAGG	TGACTTATAC	TTCATGCACT	600
TTAATTCCAA	ATCAGATTAT	TTAAATGATA	ATTTTTAAAG	TGTATGATGT	ATATAATAGG	660
TAAAATTTTC	TATATATTTA	AATGGAATTG	GGAGTAGGAA	TGTGACAGAA	ATAGTATTTT	720
ATAAAATTTA	TTCTTGTCAC	TCCCCAACTT	GCACATTATT	GTAAGCTGAC	TTTCCGCCAG	780
CTTCTATGTT	GGGGCCCCGC	CAACTTGCAT	TGTCTGTAGA	ATTTCTTTTT	GAAATTCTCT	840
ATGTTGGGGC	CCCGCCTATA	ATTGAAAAAT	GCTTGTTACA	TGGGCATTTT	CATTCGGTCA	900
ACTACTACCA	ATATAATATT	GtAGaGCCTA	AGACATTGAT	TTATTATGTC	TTAGGCTCTA	960
TTCCTTCATT	TAATGATTAA	nTTATTATAG	CAATACTTTA	TTGTCCCATG	ATTAGTGTTT	1020
TTTTAATGAG	ACATAGTAAC	TATAAAGTTT	AATAATCGT			1059

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 575:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 574 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 575:

GTTTGCTTTA GGCCTGTTT CATATTTATA CTTCGAAGGA TTTACCTTTT TGaAGTCTGG 60

TTCAACTKGC TTTTATTCT TTTCGAAATC AGCTGGTTGA GTAGTTATGA GTTCATTATT 180  
 TTTATTAGmA TAAATCTTAC CATTAAACATA TTTATAATCT TTTGTTATAA AGTCACCATT 240  
 5 TCTGAATGGA ACTACTTGAT TATGACCTTT AGAGAATAAA TCAGTACCGA ACATTAAATA 300  
 GTTCTTCGTA TCTATACCAG CCAAATGTAA AATTGTTGGC ATTACATCGA CTTGACCAGC 360  
 ATATTCATTA TTGATACCAC CAGATTTACC AGGGATTTTA ATCCAGAAAC CAGTTCTGTT 420  
 10 TAAATCTGTA AATTTAGCCG GTGTGATTTT TTCACCTAAT AGTTTTTCCA TGGCATTGTT 480  
 ATGGTTTTCA GAGATACCAT AGTGGTCACC ATAAATCATA ATCACTGAAT TGTCATATAA 540  
 15 TCCTTTTTTC TTCAAGTCAT TAATATATTC TTCT 574

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 576:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 576:

CAATGTTTTA TAGTACAATA TATTTTnAAT AATACTCGTT AAGGAGAATG ATATGATATC 60  
 AATTCACGCA ATTTGACAG GAAAAATCCA AGATTTGCCT TATAGCTCGA AAAGACCGAT 120  
 GCGCTCTGCT TTAGATAAAA CTAAGATTTT ACAAACAACA TGGTTATCTT CAACTGGTTT 180  
 CACTGGTGAT GAACAGGCTT ATAAAGATCA TGGTGGACCA CATAAAGCAG TTTGTGGGTT 240  
 35 TAGTAAGCAT AATTATGCAC TGTATCAAGA TGATTTACCT AACTACCTA CTCATGCGAT 300  
 GTTGGAGAG AATTTAACAT TTGATTATTT AGACGAATCT GATGTTTACT TTGTAATCA 360  
 ATATCGTTTA GGTGAAGCGT TAATTGAGGT TTCTGAAATT AGAGAACCAT ACTGGAAAT 420  
 40 TCAAGCAAAA TATAATATTC CTGATTTAGT GAAGCGCATG TCTACATCTG GTAAAACAGG 480  
 TTTCTATTTT CGGGTATTAA AACAAGGCTA TGTATCTCCA AATGATCAGC TTTACTTAAT 540  
 ACAAGAAGCA CCAATCGAAC ATCGTTTATC TGTACAACAG CTTAATGACC TTTATTATAA 600  
 TGATAGACAA AATCAAGaTA TGTACGATA TGCACTAAAC AATCCATTTT TGTCACCAAC 660  
 AAGACGCGAT AAACCTTCAA AAATGTATAA CAGAACATTG GAAATAATTA CCTTTCATTn 720  
 50 ATAAGTGTTA AATGAACCTT TCAAAACaNA AAGGAATCAA CTTACACAT CGTTTGTATG 780  
 AATAGTCTTA TCTATA 796

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 577:

(A) LENGTH: 1095 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 577:

5	AGAAATTATG ACAAATATA AAGATGGAAA GTTAGTTTAT GCATCAGTCG AACCAGGATC	60
10	TTACGTAATA CATAAGATG ATGCAATTAA ATATGACGAT TATTCTAAGT TAAAAAAATT	120
	AAGTCAGCTA ACTAACTTG ATCATCCAAA ACCAGTTCCA TATAGCGTAc TCAAATCAAA	180
15	TCTTTCGGAG TACCTTTAAC AAGCGTTTCA TTTATGACAC ATGGATCAAA GGATACTAAA	240
	GATGAAGTGT TGCCGGCATT GGCCTATTTT ACTTTTTCAC CAAAAAATTA TGAAGACAAG	300
	TCTAATCCAG ATCCAAAAGT TTTAAATTTA GTACATATGG ATTTCTTAAA TGCATCTAGT	360
20	GATTTTGGTA ACGCACATTT TGTGTGTTTA AGTAAATATA TTAAAGAGTA TGAATCAAAC	420
	TATGAAACAG CGTCAGATGA TTCTTTAAAA TAGTATTTAC TGTGTGAAAA ATAAATAGTG	480
25	TACTACATTA AATAATCGCA ATAATAATCC CGATAAACAA TCAGCATTAC TGCTTATCAC	540
	ATAGAGTTCG TAATAACTAT AACTCTATGA TTCGCAAATA ATAAATGATT GTCATCGGGA	600
	TTTATTTTTA TCAATTTATA AAGTGACATT ACCTTGTTCA TCAGCAGGTT TGAAAACAGT	660
30	AATCACTGCA CTAATAATTG CTAAAAATGTG TGGGATACCT GTCCAACAGA ATATTAAGTG	720
	TAGAATACCT TGCATATTCT TGCCGGCATA AAATTTATGA ATACCAAAAC TACCTAAGAA	780
	CAATGCTAAT AAAATATAAA TAACTTTGTT TACTTGCAAT TCTTTCCCTC CAGTTGAATT	840
35	GCTTATAATG ACATTAGCTT CTCTTTTAT TATACCCACT TTTAGTTCAA ACATTCTAGT	900
	TTAAGCATT CCAATCATCT AAATTTCACT TATTCAATCC TTACAATAAA TTTAGGATTA	960
	CATTTCACTT GCATTGTATT ATTTTACGTG TGAAATATAC GTAATGAATC ACATGACAAy	1020
40	CTYCAAATTG AAAAATATAC ATTCTATGAT GTAAGGTCGC ATTTTAAATA TATTTACGTn	1080
	AAAATAGTTT GGATG	1095

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 578:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 489 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 578:



ACTGCCAAAA TAATCATAGC CATGTTCTAC AGCTGCTTTC GCTACAATAT CCAAACGCAT 120  
 TTCAAAACAA GCGGTACAAC GTAAGCCGCC TTCTTTTCA TCAGCTAATT CTTTATCCTT 180  
 5 CACCATTTTC ACAAATTAT GTGGTTCATA AGGTGCTTCA ATATACTTCA CATTGCGACC 240  
 AGTCTTGCGA TTAAAATCTT CCACAAATTG TTCTTGCACT TTAGCACGTC GTAAGTACTC 300  
 10 ATTTTTCGGA TGAATATTG AATTCGCGAA ATAAATTGCA ATGTCTGCAT ATTGTGTAA 360  
 AACTCTAAT GTATATGTAC TACAAGGTGC ACAACAATA TGCAATAAGa TTTTAGGTCT 420  
 GATTGCTTCT CTTTCCCACT GsCCGATTAA TnTCTTCAAC ACCTTGTTCA TAATTAATTT 480  
 15 GTnGATTn 489

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 579:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

(A) LENGTH: 1287 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 579:

CGTACTGCAT CATTGTGTA AAAATTTGCA AACTTCTTCA AGATGTTATG GCTTAGACTT 60  
 AAAGCGATGA AGCACTACAA AGCCTTAAAT AAAGAATCTA AGAAGCAAGA ATTTGAAAAT 120  
 30 TCATTCAAAG ATGTTCAAAA AATTATGCGT ATTGTGAATC ACAATATTAT TTTACGCTTA 180  
 AAAGAAGAAC AAAATAGTAC AAATGTACTT GAGGTTAGCT TAGTCATTAA TCATTACTAT 240  
 35 GATATGAGTC GTCATTAAA GTGGCGTGCA CAACGTCGAA AAGAACGTCA AGAAAACAGC 300  
 AATCAAATCA TACCGCAAGC TATGTTCCAT AACCACAAAT TGGAAGCATT GTACTTACAA 360  
 CGTCATCTTT TAGATGAATT AATTCGCAAA AATAAAATCA ACAATATCGT TGCAGCTCAA 420  
 40 ATTCGAGAAA ATATCAATTa CAACGAAATT GTCTTGTCTT TACAGTCCAA ACATTaAGCA 480  
 AGaCwTaCaw TmCCCCCGTA CATATGAGAC AAAGTCATTA TCATCTCATA TGTACGGGGT 540  
 TTTTATATTC AACATCAAAA AATCAGATTG ATGAAAAGTA AATAACCTTT CATCAATCCG 600  
 45 ATTTGATTAT AGAATCTATT TTTTAAGTTT AAATGGAATT GTACATACGT TAACATTCTT 660  
 TTGATAAATT AAATACAATT TCATACGCAA ACTAGTTTGA TTGTGTAATA AATTATGCCA 720  
 50 ACGTTTCTTA GTAATAAATT CTGGTATCAC TACTGTAATC ATATAGTTTT GATCGTTGGC 780  
 TTTACGATTA ATCTTATCGA TAAAACGTGA AATTGGTCGT ATAATACTGC GATATTCCGA 840  
 ATGTAAAATA ACTAATCTTA CATCTGGGAA ATGACGTTTC CATTCTCTT GGAATGCTTT 900

TCGGTAATAA ATAGACTTAT CAACTGCTGT TGTAATACTT GTTATCGGCA CAATTGCTAA 1020  
 ATTACGATCT ACCACGTCCA CATTAGAAGC ATCAATGTCA GAACGTAATT GTTCTGCGAT 1080  
 5 ATCTCGATAA TGkTTGkTAA TTTTCAAGAA GAAATCACC ACGAACGGCA AGAAAATAAG 1140  
 TATCGGCCAT ACTTGGCTAA ATTTAGTTAT GAGTAAATC cATAAnAACA ATAAATGTCA 1200  
 10 CGATACCACC AAGTAAGTTC ACAGACAAC TACTTAACCA ATTCTTAGGA CGTTCATGAA 1260  
 TCCATTTAAT AACCATACCG AATTGTG 1287

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 580:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1223 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 580:

GCCTCCTTTC CTATATCCAT GGGTGTCTTA GTTGGGAATG GCTTATCCC TATCCCAAAC 60  
 25 ATCTGTCAAT TCAAGACTAT CACTGTATAC TAAATCGCCT nTCTATACnT CCATnCATTT 120  
 CATTTTCCAG TTGGAACAAT TTGTTTAATT ATTTTAAATA TCATTATCAA TCCAGAAGTA 180  
 30 TTTACTATTC ACTTTTACAA TAATCAATCA TTTAACTACA CATGGGTAGT CGGTGGTTTG 240  
 CTTGGGGTTA GCTTTTAAAC TGGCAATTTA TTGTTATTGC CAAAATTAGG TGCAACATTA 300  
 ACTGTAATTG CAACAGTTGC GGGTCAAATT ATTATGGGTG TCATTATTGA TACATTGGA 360  
 35 TTATTTGGCG CTACAATTCA TGATTTTAAT TTAATTAAAG CAATTGGAGT ATTGTTACTC 420  
 ATTGTGGGCA TCGTCATAAT GAATCAATTT AACAGAATA ATTTATTACT AACTGATCAA 480  
 AAGTATTTAC TGTTTTGGCT TCTATTAGGA TTTATTTTGT GTTCTTTCC ACCTATTCAA 540  
 40 ACGACAATTA ATAGTGCTTT AGCTAGTCAT ACTCATTAC CAGCCTTTGC ATCATTAGTA 600  
 TCATTTACAA TTGGGTCAAT AGCGCTATTG ATTTAAACCG CTATTTTAA TCGTTCTTTA 660  
 AAACTAAAAA CAAGTCATT AAAATTCGGT AAATTAAAGC CTATCTATTT TACTGGCGGT 720  
 45 ATACTTGGCA TGGCTTTTGT AACAGCTAAC ATTATCTTAA TGCCTCATAT GGGTGCAGCA 780  
 TTAACAACAC TTATTGGGAT GTTGGCCAG ATTCTAATGG GCATATTGAT AGATCACTTT 840  
 50 GGATTATTTG GTTCACCTAA AATAGCAATG ACATCCAGAA AACTATTGG TCTATTATGT 900  
 ATTTTGACAG GCATTATACT TTTAAGATTA TTTTAAATTA ACTTTTAGCT TATCATTTTA 960  
 ACTTGTAATT ATTTTAAAAA GTGATAAGCT ATTTTTTTGT GGTCTAAAAA TCTTTAGAAA 1020

CAACTCATTTC TTAAGACCTA AATTAATGTT ATnTTTTAAT AATTTACACC AAATTAATAG 1140

CAAAAATTAT GTTATTCGTG CTAATATTTT ATAGTTGGTT ATTCAATTAA TTAAAAATAA 1200

5 GTCAAAATGC ACAACTTTTT ATn 1223

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 581:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 454 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 581:

CACCTTTTTA TCATGCTTAG TTATCAATAA ATCTATATTT TGCTGTTTTA CAATTTTTTT 60

20 AACTTTIATCA ATCTCATTAT CTTGGACTAA ATAAATATAT GATCTTGCACT CTGTTGCTAG 120

AGCTTGTTTCG TGTTTTTCTG ATAAAACATA TGTGATGGAA GCGTGAATAA TAATGCCTAA 180

TGTAACAAAA CTGATAATTA ATATACTGCT TATCAATAAC ATTAAGCGGT GGTGAAACTT 240

25 CATCATTGTT CTTAGGTCT TTCCAATTTA TAGCCTAAGC CACGCACAGT TTTAATAAGT 300

TGTGGCTTCT TAGGATTATC TTCTAATTTA TCTCTTAAAT GACTGATATG TACATCAACA 360

30 ATTCTTGAGT CTCCTGCAAA TTCATAATTC CATACCGTAT TTAACATATG CTCTCTCGTA 420

ATGACTCTGC CTGTCTTTC TATCAAATAA AGCA 454

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 582:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 452 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 582:

TTTATAAGAT TTTATTTACA AATAATTGGT TTTCATATGT ATAAACACTT TTGACTTTCA 60

45 AATCTTAACG ATAATTCTAT TACAATACAA TCCCCTATTA GAATGATTTA TGTAATAAAA 120

AAAGCGGAGT TTCCCCCAGC TTTTCTAAAC GACTACATAA AATATAAGAT TGCAATTAAA 180

50 TGCAATAGTG ATGCTATTAC AATAAAAATA TGCCAAATCA TATGAAAATA TGGTCTATTC 240

TTTTGTGCAT AAAACCATGC ACCAATTGTA TAAGACACAC CACCTAAGAA AATGAATAAT 300

ATGAATATCC ATGATGTGCG AATAAAAATA ATTGGTAACA AGATAATACC TACCCAGCCC 360

AAAATCCCCC AAAGTGTCTG TCCCCATAAT AA

452

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 583:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1472 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 583:

15	CGCTTTTTCG AATAAGTCAT TAGCCGCTTT TAAGCCTTCT TCTTTTCGAT CTACAACAAG	60
	TAAAATAAAT GGCTTTAAGC CTTCTTCTTT TTCACCTTCA AGCATATCTG GTTTTGAAC	120
	CATTTCAAAT GGAGATTTC AATCCATTATT ATCGCTCATT TCAATAATTG CATCATACTG	180
20	TGCTTGTGAC ATACTTGCAA TAGCCTGTTT TGCATTTTCT TGAAGGAAAT ATAAGTTTTT	240
	CAATTTAGGA TGCTTATTTA ATGTACTTAA TGTAATCGGT GTAATGTCTT TCTCATAAGA	300
	CACCTCAATC ACTGTACTAT TTGTTCTACC AGGAATTGGT GGTTTTTCAT GAATATGCTT	360
25	TGATACTTCT CCAATTCCAA CGACAGATTG ATTTTTCGTT CGATTATAAA AAATAATATT	420
	GTCGCCTTCT TCTAACTGAG TATAAAAATG ATAACCATT ACGTTAATAC CGTTGTACGT	480
	GTGCGTATAA ATCGTATATT GGTTCACAGG TTCAAATTCT TCAGTTTCAG CTAAAAAGAA	540
30	ATAACGCGGT ATCTTAATTT CGCCTTACC AAGACCACT ATTAAATCAA ACTCTTCTGC	600
	AGTGATTTGA TTGAACAATG TCTCTTTCAT ATTAATTATA CGAAATCCA AAGCTTCACT	660
35	ACGCTTTAAA TAATCTGCTG TTAATGTTT CAATTGTTCA TTAACAAGAA ACTGTACACG	720
	TATTTTATTT TGTGCACCTG TTTCAACACT AATAATTTCA CCACATCCAA GTAGTCCAGT	780
	ATCCGTCTGA ACTTGATAAA AGATGACTTG ATCTCCTACT TTAGCCTTTT TAAACGCTCT	840
40	AAATCCTTGA GATGGGTAA AATGTGCGCC TGATTCAAAT AAAGCTGTTT GTCCTACTAA	900
	CGGTTCAATTA TGATTCCAAC GGTATATACC ACAATTCAAC CAAAATAAT TCGTTTCTGC	960
	TGTCATCTTA ATACTCCTTA ACCTGAATAA ATTTTAGAAA CACTATGAAT TACATTCTTT	1020
45	TAGTGTCTTCT TATGCACTG GACGCGTATG CGAACAACCTG TATACCCTTT GTTCACTGCG	1080
	ATTTTAATCG CATTTCCTAT AACATTGTAG CGCCAGGAC ATTAATTTAC GTCCAGACC	1140
	CTTATCGTTT TCACTTCTAA GTAAGTCGAA CTATTTTGCT TTACAACAAG TGCGACTCTA	1200
50	AATACAGTTG GACACACATA CGAGCAACTG TATACCTTTT AATCAGTTT CTATATTTTA	1260
	TTTATTATAT CTGTCTTAAT GATAAAAATT GTTACAAACA GTTTAACATA TTTAGCTACC	1320

ATGATACCAC TATGCTTGCh TATCTCTATA GCGCCATTGA TACACATTTT TAAATATCTA 1440  
TACTGCCGTT AGAATTTTAT CATGTCTnAA TT 1472

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 584:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 787 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 584:

GGTAGTGAAT GGGGTTCAAG ACAACAGTAT TGGAAGTACG AATGAATCAC AGTTTTTAGG 60  
AAATTATATT GTAATTAAGC ACGCAGAAAA TGAGTATAGC TTAATAGCTC ATTTACACCA 120  
ATATTCAATC ATTGTGAATG AGGGGCAAAA TGTAAATAT GGTGATATCA TTGGGAAGGT 180  
TGGGAATTCT GGCAATTCTA CTGAACCTCA TATACATTTT CAAGTAATGA ATGATAAGAA 240  
TATTGAAGCA TGTACATCTT TAAAAATTCTG ATTTATAAAT AATCGAGAAC TTATCAAAGG 300  
GGATGTGGTC TCGCGATTAC AAGCTGAATG ATGGCGATAC TTATAAAATC TCGACACTAT 360  
AAAAATGGTA TAGTGTGAG ATTTTCTTGC TTATTAGTT AATTCAAAGT GCACGCCGGA 420  
TTCATTAGAA GTCGACGTAT TTTTGTGTGT AATAGAGTAA CCGGTCATTG AAATTTTAGA 480  
TTCAATATCT GAAGCGGAAT TTGTAGATTC AGGATTATAG AAGCTACATT CATAAGTGTT 540  
ATCATCTTTC TTTTAAAGTA TAAACATACC TTTGGCTTTA ACTTCGACTT TAGTGTGTGT 600  
AATGTCAAAA GTTTGAGTGC TATTACTATA ATTAACACCA GCCCAAACCG ATTCATTATC 660  
TTTCAACACG GGAAGTCAT CTTCTTGCTT AACGACGTnA CTTCATCTTT CTCTGTCTTA 720  
AAGACATCTT TAGATAAGCC TGGATACAAC ACATATCCAT ATTTATTGTC AGAATTAGAA 780  
TGCTTTT 787

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 585:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 830 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 585:-

ATGCTAAATT AGGGGGAATA TTTACGATAA AGAGACCAGA AAAATAATAA AACACATGCT 60

TAAAATGAAG ACTATTTTT ATTACAAGAA AATGTATCTA GTAAACTTAA AGTAGCAAGA 180  
 CCTAATAAAT TTAATGCATG TTGTGCACCT TTTTACCTT GGCCAGCTTC GAAATGTTTG 240  
 5 TAAGCAGCTA CACTTAAAT GCCTATCGTT GATAGTGATG CAAGGCGAGA AATGTTTTTA 300  
 TTGATAAAGC TAGCTGAGTA TAAAGCAGCA GTAGTTGCTT CTGCAATGCC GACGTATTTT 360  
 10 ACAAGTTCTT TTTGCAAGCC AAAAGTATGT TCAAACAGTT CAATCATACC CTTATCTTCT 420  
 TGCAATTTAG GTTTACTGGC TTGGTATAGC TCTTTCGCAA GTTTTAAATT CGTTGCGTAA 480  
 CGCAAATCA TATTTAATTC CTCCCAATAT TTGATTTTTT GTGAAAGATG ATTACTTTAT 540  
 15 CATTTTTACC CGTTTCTATA AAAATGAATC AATTATGTAA CGTATGTGTA GTTTAGGAAT 600  
 GTTGTCTATG GAAATATAAT TCTGTTCACT CAAAATGTAT GAAATTAATG TGTAGTTTTG 660  
 TCGAGTTGCT CTTTTAATTT GGTAGATTG TTTTITAGAG AAGCGGTACT ATTTTAAAGT 720  
 20 GCATCAACAG ATTTACCTTC GTTTTGAGAC ATTGAGTTTA TTACAGCACG AAGTTCTGTT 780  
 TCTAGTATGT CaGCGTCGct TTAGCATTAG AACTTAaTat TTAtActCTT 830

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 586:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 412 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 586:

35 TTAGGACGTT TTTACAATCA GTACAATGAG CTCATTGTTA TTAGTCCTTT AACGGCGTCT 60  
 TTTAATGCTG GCGCTACATT TGGGCGATTT CATCATTTAA TTGATACTGA AACTTTAGCA 120  
 AAATTAGAAC ATGAAAAAGG ACATTATTAT CAGAAGATGA TATGTGATGA CAATGTAGAA 180  
 40 ATGATTTCTA TAAATAACAT ACCGAAATAT CCGAGAAATC ATAATGTATT AACTAATCAT 240  
 GACTCATACG AATATTCAAT GAATTTAGGA AGTAGTAATA GTTATTCAAA GTATGAGCTT 300  
 ACCTTAGATG ATATTTATGT TGGTGCTACC TTTAAACAAA TTATATTTAT ATTCTAGCCm 360  
 45 ACTAAATAAA AGGGkaCtaT TTGaATCaAA CmATatGtAT TAACCTTTTT TA 412

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 587:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 4709 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 587:

	TTCAGTTTGA AATTAATCAT ATAAATTTCT TATGGGAGGG TTGATATCTT AATGATTAAC	60
5	ATTATTTTCAG CTATAGGATC TATTGGAACA TTTATTATGG CTTTATTTTA TTTTGATCA	120
	GTTTCAGTTC AACTTTATCA AATGAAAATT AGCTTTCTGC CAGCTTTAGG TTTAACCAC	180
	ATTTTATTAG AAAGGGAGGA GGATCAACTT AATATAATGA ATTCGGCAAC AGAAGAGCAT	240
10	CATCATAAAG ATTATATTAA ACTATATAAT TTAGGTGGCG GTGCTGCTAA TAAAATTGCA	300
	ATAGAGGTTT TATTGGGGAA GGATAGTC ATTCAGAAAA AATACGTGCA TATTkTACCT	360
15	AGTAAAGAAG GGTACATGTT ACCAATTAAT AAAAATGTGT ACGAAGAATT AGAAAGAACG	420
	ATTGASAACA ATGGTCATGA AGCTGATTGT AATGTACGTA TGAATTATTA TCATAATGTA	480
	AGTCGCAAC AACAGGAAGT TATATTAAAA GGTCAAATCG ACCGTTTTAA TACTTATAAT	540
20	AATAAGAAA TTTATGATTT GCAGTTTATC TAAAAATTGA TTTAAGAGGG TAGTTGTTTA	600
	TTGCGAAAAA TATCATTCAA TTTAATGAA ATAATGGCGT CATTACTATA AAATATTACT	660
	TTATGTTGTA ATGCATTTTT CTATAAGATA GAACTAAAAG GAGGGGCAAA GATGCAAAAT	720
25	AGACAAATAC ATCAACATGA CTTTGCTCAA GTGGACCAGT TAATTAGAAC GGCATTTGAA	780
	AATAGTGAAC ATGTTATGTT TAATGAATCA GAGCTAGTAG ACCAAATTCG TCTAAGTGAT	840
	ACGTATGACA ATACCTTAGA ATTAGTAGCT GTTCTTCAA ATGAAGTTGT AGGGCACGGT	900
30	TACTAAGTG AAGTTTATCT TGATAACGAG GCACAACGGG AAATTGGATT AGTGTAGCA	960
	CCTGTATCTG TTGATATCA TCATCAAAAT AAAGGTATTG GGAAGCGATT GATTCAAGCA	1020
35	TTAGAACGAG AAGCAATATT AAAAGGATAT AATTTTATCA GTGTATTAGG ATGGCCGACG	1080
	TATTATGCCA ATCTAGGATA TCAACGCGCA AGTATGTACG ACATTTATCC ACCATATGAT	1140
	GGTATACCAG ACGAAGCGTT TTTAATTAAA GAATTAAAAG TGAACAGTTT AGCGGGAAAA	1200
40	ACAGGTACCA TAAATTACAC ATCTGCTTTT GAAAAAATAT GATTTCAGC TAGGATTACA	1260
	TTAGGTAGAG TTCATATTAA TAATAAAAAA TGTTTGCAAT CAAATCGTAC GTTGTCGTTT	1320
	GTAATTCTTA AAATAGCAAT AAATAAAATG TTTGTTAGTA AAGTATTATT GTGGATAATA	1380
45	AAATATCGAT ACAAATTAAT TGCTATAATG CAATTTTAGT GTATAATTCC ATTGACAGAG	1440
	ATTAAATATA TCTTTAAAGG GTATATAGTT AATATAAAAT GACTTTTTAA AAAGAGGGAA	1500
	TAAAATGAAT ATGAAGAAAA AAGAAAAACA CGCAATTCGG AAAAAATCGA TTGGCGTGGC	1560
50	TTCAGTGCTT GTAGGTACGT TAATCGGTTT TGGACTACTC AGCAGTAAAG AAGCAGATGC	1620
	AAGTGAAT AGTGTTACGC AATCTGATAG CGCAAGTAAC GAAAGCAAAA GTAATGATTC	1680

55

	GTCAAACACT AATAATGGCG AAACGAGTGT GGCGCAAAAT CCAGCACAAAC AGGAAACGAC	1800
	ACAAATCATCA TCAACAAATG CAACTACGGA AGAAACGCCG GTAACGGTG AAGCTACTAC	1860
5	TACGACAACG AATCAAGCTA ATACACCGGC AACAACTCAA TCAAGCAATA CAAATGCGGA	1920
	GGAATTAGTG AATCAAACAA GTAATGAAAC GACTTCTAAT GATACTAATA CAGTATCATC	1980
10	TGTAAATTCA CCTCAAAATT CTACAAATGC GGAAAATGTT TCAACAACGC AAGATACTTC	2040
	AACTGAAGCA ACACCTTCAA ACAATGAATC AGCTCCACAG AGTACAGATG CAAGTAATAA	2100
	AGATGTAGTT AATCAAGCGG TTAATACAAG TGCGCCTAGA ATGAGAGCAT TTAGTTTAGC	2160
15	GGCAGTAGCT GCAGATGCAC CGGTAGCTGG CACAGATATT ACGAATCAGT TGACGAATGT	2220
	GACAGTTGGT ATTGACTCTG GTACGACTGT GTATCCGCAC CAAGCAGGTT ATGTCAAAC	2280
	GAATTATGGT TTTTCAGTGC CTAATTCTGC TGTAAAGGT GACACATTCA AAATAACTGT	2340
20	ACCTAAAGAA TTAAACTTAA ATGGTGTAAC TTCAACTGCT AAAGTGCCAC CAATTATGGC	2400
	TGGAGATCAA GTATTGGCAA ATGGTGTAAT CGATAGTGAT GGTAATGTTA TTTATACATT	2460
	TACAGACTAT GTAAATACTA AAGATGATGT AAAAGCAACT TTGACCATGC CCGCTTATAT	2520
25	TGACCCTGAA AATGTTAAAA AGACAGGTAA TGTGACATTG GCTACTGGCA TAGGTAGTAC	2580
	AACAGCAAAC AAAACAGTAT TAGTAGATTA TGAAAAATAT GGTAAGTTTT ATAACCTATC	2640
30	TATTAAAGGT ACAATTGACC AAATCGATAA AACAAATAAT ACGTATCGTC AGACAATTTA	2700
	TGTCAATCCA AGTGGAGATA ACGTTATTGC GCCGGTTTTA ACAGGTAATT TAAAACCAAA	2760
	TACGGATAGT AATGCATTAA TAGATCAGCA AAATACAAGT ATTAAAGTAT ATAAAGTAGA	2820
35	TAATGCAGCT GATTTATCTG AAAGTTACTT TGTGAATCCA GAAAACTTTG AGGATGTCAC	2880
	TAATAGTGTG AATATTACAT TCCCAAATCC AAATCAATAT AAAGTAGAGT TTAATACGCC	2940
	TGATGATCAA ATTACAACAC CGTATATAGT AGTTGTTAAT GGTCAATTG ATCCGAATAG	3000
40	CAAAGGTGAT TTAGCTTTAC GTTCAACTTT ATATGGGTAT AACTCGAATA TAATTTGGCG	3060
	CTCTATGTCA TGGGACAACG AAGTAGCATT TAATAACGGA TCAGGTTCTG GTGACGGTAT	3120
	CGATAAACCA GTTGTTCCTG AACAACTGA TGAGCCTGGT GAAATTGAAC CAATTCCAGA	3180
45	GGATTGAGAT TCTGACCCAG GTTCAGATTC TGGCAGCGAT TCTAATTCAG ATAGCGGTTT	3240
	AGATTGCGGT AGTGATTCTA CATCAGATAG TGGTTCAGAT TCAGCGAGTG ATTCAGATTC	3300
50	AGCAAGTGAT TCAGACTCAG CGAGTGATTC AGATTGAGCA AGCGATTCCG ACTCAGCGAG	3360
	CGATTCCGAC TCAGACAATG ACTCGGATTC AGATAGCGAT TCTGACTCAG ACAGTGACTC	3420
	AGATTCCGAC AGTGACTCAG ATTCAGATAG CGATTCTGAC TCAGACAGTG ACTCGGATTC	3480

55



	CGATTCTGAC TCCGACAGTG ATTCCGACTC AGACAGCGAT TCAGATTCCG ACAGTGATTG	3600
	CGACTCAGAT AGCGATTCCG ACTCAGATAG CGACTCAGAT TCAGACAGCG ATTCAGATTG	3660
5	AGACAGCGAT TCAGATTCAG ATAGCGATTG AGATTCCGAC AGTGAAGTAC ATTCCGACAG	3720
	TGACTCCGAT TCAGATAGCG ATTCAGATTG CGACAGTGAC TCAGATTCCG ACAGTGACTC	3780
	AGACTCAGAC AGTGATTCCG ATTCAGCGAG TGATTCCGAT TCAGATAGTG ATTCCGACTC	3840
10	CGACAGTGAC TCGGATTGAG ATAGCGACTC AGACTCCGAT AGCGACTCGG ATTCAGATAG	3900
	CGATTCCGAC TCAGATAGCG ATTCAGAAATC AGACAGCGAT TCAGATTGAG ACAGCGACTC	3960
	AGACAGTGAC TCAGATTGAG ATAGTGACTC GGATTGAGCG AGTGATTGAG ACTCAGGTAG	4020
15	TGACTCCGAT TCATCAAGTG ATTCCGACTC AGAAAGTGAT TCAAATAGCG ATTCCGAGTC	4080
	AGTTTCTAAC AATAATGTAG TTCCGCCTAA TTCACCTAAA AATGGTACTA ATGCTTCTAA	4140
20	TAAAAATGAG GCTAAAGATA GTAAAGAACC ATTACCAGAT ACAGGTTCTG AAGATGAAGC	4200
	AAATACGTCA CTAATTTGGG GATTATTAGC ATCAATAGGT TCATTACTAC TTTTCAGAAG	4260
	AAAAAAGAA AATAAAGATA AGAAATAAGT AATAATGATA TTAAATTAAT CATATGATTG	4320
25	ATGAAGnAAc rCCTTAAAAG GTGGCTTTTT TACTTGGATT TTCCAAATAT ATTGTTTGAA	4380
	TATAATTAAT AATTAATTCA TCAACAGTTA ATTATTTTAA AAAGGTAGAT GTTATATAAT	4440
	TTGGCTTGGC GAAAAAATAG GGTGTAAGGT AGGTTGTTAA TTAGGGAAAA TTAAGGAGAA	4500
30	AATACAGTTG AAAAATAAAT TGCTAGTTTT ATCATTGGGA GCATTATGTG TATCACAAT	4560
	TTGGGAAAGT AATCGTGCGA GTGCAGTGGT TTCTGGGGAG AAGAATCCAT ATGTATCTAG	4620
	TCGTTGAAAC TGACTAATAA TAAAAATAAA TCTAGAACAG TAGAAGAGTA TAAGAAAAGA	4680
35	TTGGATGATT TCAATATGGT CChTTCCCA	4709

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 588:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1554 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 588:

CTTTTTTAat TAwCgGaAtA TTGtCaTgaT tAcAcTTCGt TAGGGTTTAc gTCGtAATTT	60
CATTTaataAA gCgCTTCaCc ATTAAAtGTG gTAmCCTTTA ATTCGCCAGT AGAAACATCA	120
CAGTAACTAA GCGCAATTTc AGGTTGATTc ATAACAAAC TTAAATATA GTTATTTTGT	180

CGTCTAACCA TACCTTTCGT TTGTTTCGGA TCTTCCATCT GTTCACAAAT AGCTACTTTA 300  
 TATCCATTAT TAACAAGTGT ATCTATATAA CTATCTGCAG AATGATACGG AACACCACAC 360  
 5 ATCGGAATTG GATTTTCTTT TTTAGCATCT CTTTtagTTA AAGTAATTTT AAGTAyACGT 420  
 GATGCCTCCT TGGCATCTTC ATAAACATT TCATAGAAAT CACCTAGTCT AAAAAATAAT 480  
 AAGCAATCTT GGTATTCTGA TTTTATTTTT AAATATTGCT GCATCATTGG TGTAACATTA 540  
 10 GACATATTAT TTCTTCACAA CCCTTGCTC TTTTAAAT TTGTCTTTAC AATATATTCTG 600  
 TTTGTAAGYT TTTAATTAT TAATTATTTA ACTTATACAT TTAAACATAC TTACTTTTAC 660  
 AAACCTATTC ATACCATATA ATCACGAAGC ATCTTAAATG TATAAGAAA CGCCTCAAAC 720  
 15 CTAATAAAAT GTGTCAATAG CATGTTTAGA ATTAAATTAA AATTCTAACA TTCAAGACAT 780  
 TTAATTAAGT AAGGGCGTTC AATATTAAAA TGAACAATGA CTCTGTTTGA AATCATATAT 840  
 20 CATAAAATTA TTTTATAAAC CTTTGAAGAA TACCACGTTT TTTTAGAGTA ATTAATAAGA 900  
 AATAACTTAT AATAGATCCG ATAGCACTTG aGACTATGaA CGTAATCATT AACGGTTTTAA 960  
 TGAAGAAGTC TTGAAGCCCA AGGaAATATG CTAATGGtAT aCaAATTAAA cTTCCgATGA 1020  
 25 CaCCAGTTCC aAGTACTTCa CCGACCGCGG CCaTAAATAT ATGTTTACGA TATnygTAAA 1080  
 ACATACTAGC CAATAAACT CCAATCATAC TACCCGGAAA TGCAAAAGst GTACCAGTAC 1140  
 CAAAAAGAAC TCTTAAATTT GATGATATAA GCGCTTGAGC TAATCCATAC CAAGGACCTA 1200  
 30 CTATGACCGC ACTTAATACA TTTACAAAAT GCTGTACTGG TGCTGCCTTA ACTGGTCCTA 1260  
 GAGGAATGAT GATAATACTG CTTAATACAA CATTTATTGC AATTAAAAGT GCAGTTATAG 1320  
 CCAGTTTTCT TGATTTCATA TGATTGTTCT CCTTTTGTGTT TGTAATTAAT CACTATGCTT 1380  
 35 GGCTTTATTA TGGTCATTTA AACGTGTTTC CATTGTTGAT ACAAACATTT TCAATAATTG 1440  
 ATTCGCTTCA TATTGTGAAG TTTGAACTG TTCAACTATG GGCAATGTAT TTATTTCTGC 1500  
 40 TTCTAtACTC TGAATGGtAT GTTCCGACTG nTCCAGCGCA TTTGTTTCCC GnAA 1554

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 589:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 638 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 589:

TTTTGACGAA AAAAGTTGAT TTACAAATAT ATAAACGTTG TGATTTCaAT GTTTGTATAG 60

TATATACATG ACAGCAACTT GGGAAAAAAA GGAAGGTAAC GAAGGTTTAT TAACTGTTAC 180  
 TGTTCTGCA GAAAAAGTAA ACAAAGCrCT GAGAGATCCC CTCATAATTT CCCCCAAGCG 240  
 5 TAACCATGTG TGAATAAATT TTGAGCTAGT AGGGTTGCAG CCACGAGTAA GTCTTCCCTT 300  
 GTTATTGTGT AGCCAGAATG CCGCAAAACT TCCATGCCTA AGCGAACTGT TGAGAGTACG 360  
 TTTcGATTTC TGA CTGTGTT AGCCTGGAAG TGCTTGTCCC AACCTTGTTT CTGAGCATGA 420  
 10 ACGsCCGCAA GCCAACATGT TAGTTGAAGC ATCAGGGCGA TTAGCAGCAT GmTATCAAAA 480  
 CGCTCTGAGC TGCTCGTTCG GCTATGGCGT AGGcCTAGTC CGTAGgCAGG ACTTTTCAAG 540  
 TCTCGGAAGG yTTCTTCAAT CTGCATTGCG TTCGAATAGA TATTAACAAG TTGTTTGGGT 600  
 15 GTTcGAATTk CAACArGTaA GTtAGtTGCT AGAnCCCA 638

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 590:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1242 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 590:

AAAATATTCC CGTACATTTT GATGTCTGTA GGGGCTTTTT TGA CTTTAGG ATTTGTCATT 60  
 30 TTTTCAATTC ATAAAGGGAG ACGAACGAAA AATGAATCAG CACGTAAAAG TAACATTTGA 120  
 TTTTACTAAT TATAATTACG GCACATATGA CTTAGCAGTA CCAGCATATT TACCGATAAA 180  
 AAACCTTAATA GCTTTTAGTAT TGGATAGTTT GGACATTTCA ATATTTGATG TCAATACACA 240  
 35 AATTAAAGTG ATGACGAAAG GTCAATTACT TGTTGAAAAT GATCGACTCA TTGATTATCA 300  
 AATCGCTGAT GGAGATATTT TGAAGTTACT ATAGGAGGGA AAATAGATGG TTAAAAATCA 360  
 40 TAACCCTAAA AATGAAATGC aAGATATGTT AACGCCTTTA GATGCTGAAG AAGCAGCTAA 420  
 AACAAAATTA CGCTTAGATA TGAGAGAGAT TCCTAAGTCT TCAATTAAAC CAGAACATTT 480  
 TCATTTAATG TACTTATTAG AACACATTC TCCATATTTT ATAGATGCTG AATTAACCTGA 540  
 45 ACTACGTGAC aGTTTCCaAA TACATtATGA CATTAAATGAc AATCATAACAC CTTTTGATAA 600  
 TATTAAATCA TTTACTAAAA ATGAAAAATT ACGTTACTTA CTCAATATCA AAAATTTAGA 660  
 AGAAgTAAAT CGTACACGCT ACACATTTGT GTTGGCACCA GATGAATTAT TTTTCACAAG 720  
 50 AGATGGATTA CCCATTGCTA AAACAAGAGG GTTACAAAAT GTTGTGATC CATTACCTGT 780  
 GTCAGAAGCT GAATTTTTAA CAAGATATAA AGCGCTGGTT ATCTGTGCAT TCAATGAGAA 840

AACTAAAGTT ATTGAAGCGG CAACGTTAGA TTTACTAACG GCATTTTITAG ATGAACAGTA 960  
 TCAGAAACAA GAACAAGATT ATAGTCAAAA TTATGCATAT GTACGCAAAG TAGGACATAC 1020  
 5 CGTTTTCAAA TGGGTTGCTA TCGGTATGAC AACGTTAAGT GTTTTATTAA TTGCATTCTT 1080  
 AGCCTTTTTTA TATTTTTCAG TAATGAAGCA TAATGAGCGC ATTGAAAAAG GATACCAAGC 1140  
 ATTTGTAAAG GATGtTATAC GCAAGTACTA AATACGTATG ATGATTTAGA TGGTaaaaat 1200  
 10 TgaTAAAGAG GCACTTTACA TTTATGCCAA AAGTTATATC CA 1242

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 591:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 744 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 591:

TTCCAGATAG AGCCTTAGTT GCTGCCGCTG AATTGTCTGA TCGTTACATC ACTGATCGTT 60  
 25 TTTTACCAG ATAAAGCGAT TGATTAGTT GACCAAGCAT GTGCAACAAT TCGTACGGAA 120  
 ATGGGATCAA ATCCAAGTGA ATTGGATCAA GTTAATAGAC GTGTCATGCA ATTAGAAATT 180  
 30 GAAGAAAGCG CACTTAAAAA TGAATCTGAC AATGCGAGCA AACAGAGATT ACAAGAACTA 240  
 CAAGAAGAGC TTGCCAATGA AAAAGAGAAA CAAGCAGCAC TTCAATCTCG TGTAGAATCA 300  
 GAAAAAGAAA AAATAGCAAA TTTACAAGAA AAACGTGCGC AACTAGATGA AAGTAGACAA 360  
 35 GCGTTGGAAG ATGCACAAAC AAATAACAAT TTAGAAAAAG CTGCTGAACT ACAATATGGA 420  
 ACAATTCTCTC AATTGGAAAA AGAACTTAGA GAATTAGAGG ATAATTTCCA AGATGAGCAA 480  
 GGTGAAGATA CAGATCGAAT GATTCTGTAA GTTGTAACAG ACGAAGAAAT TGGCGATATT 540  
 40 GTCAGCCAAT GGACAGGCAT ACCAGTTTCA AAATTAGTTG AAACAGAACG TGAAAAATTA 600  
 CTTCACTTAA GTGACATCTT GCATAAACGT GTTGTAGGTC AAGATAAAGC GGTGACCTG 660  
 GTTTCAGATG CAGTAGTTAG AGCAAGAGCA GGTATTAAAG TnCAAACAGA CCTATTGGTA 720  
 45 GTTTCTnATT CCTAGGTCCn ACTG 744

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 592:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1449 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 592:

	TTGTTATAGT GTCTGAATCT GTGTAACCTT TGCCCATGTG TTCTGAGTAA AGCACCCACT	60
5	GTTTATTTAC TTTTCGTTGT AGTCTAGCTT CGTGTAGTAG TTTGTTTAAAC TTTTGTGCTG	120
	ATATACCGTA GTCTGCCGCG ATTTGAGTTG TGGCTAATGT GCCAGTTGAT TTTAAGATTT	180
	CATCAACATA ATCTGCTTTG GGTTTTAGCT CTCCAATTTT TTGTTGTAAA AGTAAGTTTT	240
10	GCTCTTTTTC TTTCTTATAC TCAGTCAACA CTGTAATGAT GTAGTCTGGA TCTTTTAATG	300
	TTTGTTC AAT TACATTGTCT GTTGCCTATA TACCGTGTTC GCGAATAGCT GGTaGGACAT	360
	CTGATGTTAC CCAGCGTTTG AATTTTCTAG CGGTTTCTCT AATTTTTCG TTTTGTCTTT	420
15	GTTTAGAAGC ATCGAAGATT AGACTGTATA ATCCTGATTC GTTGATAATG ATCATATTTT	480
	TGTTTTGACC TGATGCACTA AATTGGTGCG TCAGTTTGTC CTCGCTATCA ACATGATTTT	540
20	TAATGGCATT GTCTGATCTT GCATATCCTA AAATCTCAGC AATATCTTTT CCTACAAAAT	600
	AAGGTTGCTT TTCAATTTCT ACTGTTCTTA CTGGTAGCTC TTTAAAATTA AATGTTTGTA	660
	ATGCTTGCAT TTGAGTATCC TCCTTTTTTC TCAACACCCA CATTGAGCAG ACGGTTATCG	720
25	CAATGACTAT CGAATGTATT TAAACGCGGC TCATATCATC GCCAGcTCTC GCTCACATCT	780
	GCTCAATGTG GATGTTGATA AGCGTGGTTA TATTAAGAAG TGAATGTTAC TGATTCACTT	840
	TCCGCCACTC TGTTAAATCA GTAACTTTGT TATCGCTTTC AACACCGTTA AGCTTGCTTA	900
30	ACGCTTTCAC TACTTTTTGG AACTCTTTGA TAGCACTcCG TAGCTTTTTTA GTAATTTTCA	960
	CTTCTACCAT TTCCAAACCA GCAAATGCGT CTTGCTTATT CATGCTTAGA TGTGTTGTTGA	1020
	AAAGATCTCG AGTGTATCTT ATTTCTTTAA GTGATTTATC ATAAGCTTCA ATTTGTCCTG	1080
35	AAAGGTTATG ATATTTTAGT TGTAAGTTTAA CTAATTTTAA TGATTGGTCT TGCATTTGTT	1140
	ATGTCTCCTT TAAGATGTTT GTTTGCGTTT CGTGTACTTT GTGGGTAAAA AAATATCTCC	1200
40	AATATTTTCG TCAAAAAAAT CAGCGATAAT AAACATCTCA TCATTCTTAA ATTGATGCTT	1260
	TCCTAATTCT TTTAAACGAT AACCTTCAGT TGATATATTC AAGAGGTTTG CTAAATCTTC	1320
	TTGAGTACAC TTTCTTTCTT TTCTCAACTT TATTAAATTC CATTGCATGT TGTCACCTCC	1380
45	CGCTTTACAA AACCTACTAT ACACGATACG GTACTTGnGT CAACATAAAA GTTTGCTTTT	1440
	CGTGTATTT	1449

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 593:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1170 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 593:

5 ACCAAAAACA CTTTCTAAAG AAATTGTTTC AGAACCATT T GCTAAAAACC AATTACGTGA 60  
 AAAAGCTCGT CTAAC TAACA TTAAAGGTTT AGAGATTCCA AGAGTTTCAT AACTTTTAGA 120  
 CGATGATGAT TTCATTACAG ACGTAGAAAC AGCAAAAGAA TTAAAGCAA AAGGTGATAC 180  
 10 AGTCAAGTTC ACTACTAATA AATTCAAAGT ATTTGCTGCA ATTTAGATA CTGTAATTCA 240  
 TGGATCAGAT GTAGATTTAG TAAACTGGGT TGAAAACGCA CTACAATCAG GATTAGCAGC 300  
 TAAAGAGCGT AAAGATGCCT TAGCAGTAAG TCCTAAATCT GGATTAGAAC ACATGTCATT 360  
 15 TTATAATGGA TCTGTAAAG AAGTTGAGG AGCAGACATG TATGATGCTA TTATTAACGC 420  
 TTTAGCAGAT TTACATGAAG ATTATCGTGA TAACGCAACA ATTTATATGC GATATGCAGA 480  
 20 TTATGTCAA ATTATTAGTG TTCTTTCAA TGGAACAACA AATTTCTTTG ACACACCAGC 540  
 AGAAAAAGTA TTTGGCAAAC CAGTAGTATT TACAGATGCA GCAGTTAAAC CTATTGTGGG 600  
 AGATTTCAAT TATTTTGGAA TTAATATGA TGGAACAAC TATGACACTG ATAAAGATGT 660  
 25 TAAAAAAGGC GAATATTTGT TTGTATTAAC AGCATGGTAT GATCAGCAAC GTACATTAGA 720  
 CAGTGCATTC AGAATTGCAA AAGCAAAAGA AAATACAGG CCATTACCCA GCTAAGCCCC 780  
 AAAAGGTAA TGTAACAGCT AAGGCTAAAT CAGCTGTAAT ATCAGCCGAA TAGGGGTGAT 840  
 30 GAAATGAGTT TAGAAGAAK TAAATTGTGG TTGAGAATTG ACTATAATTT CGAAAATGAT 900  
 TTAATTGAAG GTCTCATTCA ATCGGCTAAG TCTGAATTAC TATTAAGTGG GGTnCCAGAT 960  
 TATGACAAAG ATGACTTGGA ATACCCGCTT TTTTGTACAG CGATTAAATA TATCATTGCA 1020  
 35 AGAGATTATG AAAGTCGTGG ATACTCAAAT GACCAATCTA GAAGCAAGGT GTTTAATGAA 1080  
 AAAGGATTGC AAAAAATGAn TTTGAAATTA AAAAAGTGGT AGGTGATTTT TAAATGGAAT 1140  
 40 TTAATGAATT TAAAGATCGC GCGTATnTTT 1170

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 594:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1393 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 594:

TGAAGGGTGT TTTGTTTATG GCCAATTGCT GTGTTATTAA AnCGAATGTT TCGAATGGAA 60

ATCATTTCCGG AAGAGGACAT GTCTTCAGCT TCTGATTGA AAGCACAGTT TTATCGCGGT 180  
 ACTTTGCAGC GCTTTTACCA AtCnTTGCAC GCAGAAAAGC TTACACCTTA TGTATGTCT 240  
 5 TATGACGATA TCATTTTCATT TTGTAAAGAA AACAATATCT CTGAAGTAGT GACTGCGGGT 300  
 GATATTATGA GTTATCATCT TGAAGAATAT GATATTTTAC ATCAACGTTT TTTATTCAAT 360  
 GAAGCACGCA TTGCCGTTAC TTTGATACGT GGAATCATT ACTTTAAAGC GAGTAAACAA 420  
 10 ATGAATCAAC AAGGGGAGCC ATACAATGTT TTTACTAGTT TCTATAAAAA ATGGCGACCT 480  
 TACTTGAGGC ATAGAGACGT ATATCACTAT GATTTAAAT CATTCGAAAA CTTTGTCAAT 540  
 GCATCACCTG ATGATTTAGT GTTTGATGAC ATAGCATTG GATCCTCACA aATAATTGAA 600  
 15 CAGataAATG GCAACATTTT TTAGATCAAG ATATACAGAA TTACGAAAGC GGAAGAGACT 660  
 ATTTACCTGA AGTATTAACA AGTCAGCTAA GTGTTGCTTT AGCATATGGA TTATTAGATA 720  
 20 TTATTGAAAT TTTTAATGAT TTATTGGCGC GTTATGATGA AGATGAGGCA AACTATGAAG 780  
 CATTTATACG TGAACTCATT TTTAGAGAAT TTTATTATGT GTTAATGACA CAGTATCCTG 840  
 AAACCTCATA CCAAGCTTTC AAACCTAAAT ATCGACAGAT AAAATGGTCG CAAAATGAAG 900  
 25 CGGATTTTAA TGCATGGTGC GAAGGGCAAA CAGGATTTCC AATCATTGAT GCAGCAATAA 960  
 TGAATTGAC ACAAACCTGGT TTTATGCATA ATCGAATGAG AATGGTTGTG TCGCAATTTT 1020  
 TAACCAAAGA TTTATTTATA GATTGGACAT GGGGAGAAAA ATTCTTTAGA AAGCACCTTA 1080  
 30 TTGACTATGA TGCAGCATCA AATATTCATG GATGGCAATG GTCTGCTTCT ACAGGTACGG 1140  
 ATGCAGTGCC GTATTTTAGA ATGTTTAATC CAATAAGACA GAGTGAACGC TTTGATGCTA 1200  
 AAGCTTTGTA TATCAAACA TATCTTCCGA TTTTAAATCA AATTGATGCA AAATATTGTC 1260  
 35 ATGATACACA ACGCAATGAG TCCAACCTTT TTGAACAGGG GATTGAATTA GGTAATCATT 1320  
 ATCCAAGACA AATGGTAGAT CATCAAGAAA AACGTACACA AGTTTATAGT ACATTTAAAG 1380  
 40 CGCTAGACTA ATT 1393

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 595:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1484 base pairs  
 45 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

50 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 595:

55 TTAACCTTGAA AGATTTCCCC GACATCTATA ACTTGTATAA TGTGTATATG TCGTTTTTAG 60

	AAAAATTAAA AAAAGAATAT CTTGATTGGT ATAATCAGAC CTTAGAGTTT TCTAATTTAT	180
	CAAACAATGT AGTAAGWATA GATACTCCTT TTAAGATAA TTCTTTAGAT AATTTAATAA	240
5	TTTACGCTTT ATACGATCAG TCCAGAGACA TGATTACACT GACAGATGAC GGCTATACTA	300
	TATtTGATTT AGAAAATAAT GGTATTTCTT TAAATAAATC AAAAAACGT AAAAAGATTT	360
	TTGAAGAGCA CCTTTCAGCT TACGGTATTA AATATAACGA TAAACTCAC GAAATTTTTG	420
10	TTCAAATAA CTTTAAAAAT TTTAATAAAT CGAAACATAA TTTATTACAG TGCCTTATAT	480
	TTGTTAATGA TATGTACTTA CTTTcTAATC CTAAGTCACA GAACATATTT ACAGAAGATG	540
	TTGCAAACAA ATTGGATGAA CATAACATTT ATTACGGAAG AGATTTACCT ATTATAGGAA	600
15	GCAGTGGTGT TGTTcATAAT TTCGACTTTT TTATTAGCGC TAAGAAAAAT CAAAAAGAAA	660
	AATTTATCAA TGCTATTTCT AACCCTAATA ATTCTATGAT TATTAAGTCG AAAATAACGG	720
20	ATGCTATGCA AGCAAAAAAA ATAAAAAGAC ACAGGC AAAA TGAGTTTATT TTTATTTTAA	780
	ATGACTCAA AAAAGAAATA AATGAACATA ATAAAAATCT TCTTCATGAA AACTATATTA	840
	GTACAATAGA TTATAGCGAA TTAGATGAAA AGATAGGTTT ATTGATTTAA TATATATAGA	900
25	CGTGATAATA TCAATGTTTA TATTAAATGA AACGAATTTG AAAATTTCGA AACAGCTTAA	960
	GATAGCAAAT TGAATAGCCT TATTGATAAT GCAGAATCGT CTACACTTAG TTGAACAAAT	1020
	TCTATGAGAA TAGATATTGT TAAACTATTT GGGTAGGCGA TTTTATTTTG ACAAGAGTCA	1080
30	GAAGATTATT TAGTTCATAG TTTAAGTTAC AAATGGCTAA ACTTTATGAA AATGGTATGA	1140
	CTAGAATCGA AATTATACTC GAATACGATT TAACACTCTC AATCTTCTCG AACTGAATAA	1200
	ATACTGGGTC ATTCAATCAT CAAGACAACT TAATAAGTGA TGATAAATGT TCATACCATT	1260
35	TTGCAAATAT AACCAGATAC TCTCAACAAA ATGTAGAGTT CAAAATTAAA AATGTCCCTA	1320
	ATTGGCACAT TGCTGTATGA TAATAAATTC AACTTAGATT TCAACAATAT AACTAATGAT	1380
40	GCTTATATTT ACCGCGATAT CAAACCAAAC AGCCCATCCA CAAACAAAT AGAATATATC	1440
	mTGTTAATAA TAGTAAATGA TATATCTTCC AAAGACCGCA AACT	1484

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 596:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1435 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 596:



	CTTTATCaTT AAATGCCaTT TTGaATCCTT CTTGAATTG TTTGATTTC TTTTCAGTAT	120
	TATTAACCTT GTTCAAGACA GTGCCATTAA TTTTCTTCTT GAGTGGACCA ACCTCATCTT	180
5	TATTAGTTGA TTCATGAATC GTTAATCCAA TGTGTGGCTG TATTCTATAA CCATCATTCG	240
	CTATAGTTGA AACATATTGT GaTAATTGTA ATGGTGTATA GGTATCATAT TGACCAATTG	300
	ATAAATCTAG ATAATTACCT GGATTATTTG TTAATGGTTC GATTTGACCT CTTGTTTCAT	360
10	TTGGTAAATC TATCCCTGTT TTCACACCTA AGCCTACTTG ATTTAATCCT CTTCTTAGCT	420
	TTTGGGCAGG TGAACTTATG TCTGAAGGTA AAGCCATACC AGAATAATAA GGGTCTCCCG	480
	CTAATTTTAA TGCTGTTTTA AACATATATA CGTTTGATGA ATGCATCAAA GCTTGCTTAT	540
15	CATTAATAGT TACATGCCCG TTTTATTGA AGTATGATCG TTTTGTCAA CCACCTTGGA	600
	AATGTAATGG TTCATCGACC ATTGTTTCTC CAACTTTGAT AGCTTTATTC TGATAACCGG	660
20	CTAATAATGT TCCACCTTTT ACAGAAGATC CAACCGCAAA TTGAGAAGTA AACGTACCAA	720
	TGTCATAATC AGTCATTTTA CCACTCTTAT TAATCTGCTT TCCGGCAAGC GCAAGAATGT	780
	CTCCATTTT AGGATTTTGT ACAACCATCA TTGcATTATC CATATCTTTG GCACCTTGAC	840
25	TGCGaSTTCT TAATTTGTTT ATCTAATAAT GCTTCTACTT CTTTTGAAG ATCTATATCG	900
	ATCGTTAATT TCAATCTTG ACCGCGAGCG CCAGGTTTTA ACACTTCTGA AGATGTAAC	960
	TTACCAGATT TGTCGGTTGT GTATTTCaTT TCTTTCTTCT TACCACGcAA TACATCTTCA	1020
30	TATTGATATT CTAGGTAAGA TTTTCCAACA CGATCATTGC GTGAATATCC TTTGGATAAG	1080
	TAATGTTCTG TCAATCTTT TGGaATACCT TCAGCAGGTG TCGATACATC TCCGAATATA	1140
	CCTCTTAAAG TATCGCCATA TGGATATTTT CTATCCCAAT CCATAGACGT GTTAACACCT	1200
35	GGTAATTTGG AAAGTTGCTG AGAAACTGCT GCATACTCTT TTCACTGAC ATCTTCATTT	1260
	TTTATCATTT GTGGATCTAA AACTGTTCTT GGCATTcATC TCTCGAAAA TAGCTAAAAC	1320
40	TTGGTAAATC TTTAGAAGAC AATTCATCTA ATTGTGGATT TTCCGGATTT CGGATAACAG	1380
	TTGGTnTATC CATAATGGAT CCTGGTTTAA TACCTTCCAn CnGGCGAACA TAGCC	1435

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 597:

- 45 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 516 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

50

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 597:

55

	AGAAAAAGAT	TTAGAAAAGA	TTACCATTTCG	CGACATAACA	ACACGCGCTG	ATATCAATAG	120
	AGGGACATTT	TACTTACATT	ACGAGGATAA	ATATATGTTA	CTCGCAGATA	TGGAAGATGA	180
5	GTATATTTCA	GAACCTAACGA	CATATACTCA	ATTTGATTTG	TTACGCGGTT	CTTCA- TTGA	240
	AGACATTGCG	AATACTTTTG	TAAATAATAT	ACTCAAAAAT	ATTTTCCAAC	ATATTCAATGA	300
10	TAATTTAGAG	TTTTATCATA	CTATTTTACA	ATTGGAACGC	ACGAGTCAAT	TAGAATTGAA	360
	AATCAACGAA	CATATTAAAA	ATAATATGCA	ACGTTACATT	AGTATCAATC	ATTCTATCGG	420
	AGGCGTTCCA	GAGaTGTATT	TTTACAGTTA	CGTTTCCGGA	GCAACAATTT	CaATTAnnTA	480
15	AATACTGGGG	TAATGGACAA	ACAGCCCAT	TTCAGT			516

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 598:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1955 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 598:

	AGTACTTTAC	CATGAGGTAA	GACTTTATTC	CCTGCTTTTA	TAGATTGTGC	TTTTATTTGT	60
	GTGCCAGAAC	CAATAGTact	GGTcTAATGA	TTTTGCACTC	ACATTATCAA	TAGCTTTTTG	120
30	TTTGTCTTGA	CCTTCAACAT	CTGGCACTTT	ACTATACTCT	GCATTAGATG	TGTCATCTTT	180
	TGATTTACCT	ACATTTAAAT	ATTTCAAAGT	ATTTTCCATT	ATTGGTTTAA	ACGCTTTACT	240
35	AACACCTAAT	TCATAAGCTT	CTTGGTCATT	TTTTTGTGCC	AAGCTCATAC	CAGCGTATAC	300
	AATAACTTTA	GGATTTTCT	TCGGCGCGTC	ACCCATAAAA	CTTACAAAAT	ATGGGTTTGG	360
	ACCTTTAACG	TATCCACCAC	CATTAGGTGC	AGCGACTTGT	GCTGTACCAG	TCTTACCTTC	420
40	GACCTCATAA	CCATCAATAC	GATAGTTTGC	AGCGTGACTC	TTCTTACTAT	TCACAACTAA	480
	ATCCAATTGC	TTTTCAACTT	TTTCAGCAGT	ATCTTTTGTT	ATTGGTTTGC	CTGCGATTTG	540
	TTTTTGCCCT	TTATAAAATT	GTCTTTTACT	AACAGGATTT	TCAACGCTAT	TCACAAACCA	600
45	TGGTTTAAAC	ATATTACCAT	CATTAAAGAA	CGCTGATTGC	GCTTGTAACA	TTTGAACAGG	660
	TGTTACTGTT	GTCGATTGAC	CAAATGATGA	CGTTTTTTGt	TGCAACTCAT	TACTCCATCC	720
	AATTTGaCCA	GGTGCTTCTC	CATCAAACAT	ACCTTTAGTT	GaTTTTCCaA	ATCCaAATCG	780
50	TTCATACCAA	GATTTTCAAT	TGTCTGCACC	AACTAAATCT	TGTAAATGCA	TCATCAATGT	840
	ATTAGATGAA	TAAGTAAATC	CGAGTGACAT	TGGGATTTCa	CCCCAACCGA	CTCTATTCCA	900



EP 0 786 519 A2

AAAAGCACCT TGTGAATAG CAGCTGCTAA CCCATATGAT TTAAATGTTG ATCCAGGCTC 1020  
GTATGTGTTT TGATAAAGGT CATTTGCCCA CTTTTTACCA AAGTCTTTAC CAGTTTCAGG 1080  
5 ATTAATGTTT GGTGCTGAC TGTATGCTAA AATTTCTCCA GTTTTGGCAT CCATGACAAC 1140  
CGCAAATAAA TCTTTGCGCT GGTATCTTTC AACCATGCCA TCTAAAGCTT CTTCAACAAA 1200  
TACTTGAATA TTTGAATCGA TTGTTAAATG GACATCATCA CCACGTTTAG GCTGCTTCTC 1260  
10 TTTTTTAGTA TTTGGTGCGA TATATCCCCA AATATCATGA ATATATCTCA ATGATCCTTT 1320  
AGATCCACTT AAATAACTAT CAAAAATCTT TTCAACTCCA AGTGCACCTT TAAGTTCACC 1380  
AGTATCCGGA TTTTCTGAG CTCTACCAAT TAAGTGTGAT GCAAAATTGC CATTGGATA 1440  
15 AAAGCGTTCT GTTTCAGGCA ATAAAGAAAT ACCAGGCAAA TTCATTTTCT CTATTTTCAA 1500  
TTTGTCTGA TACGTTAAAT TTGTTCTTTT GCGTCCAAAT TCAATTTGGA AAGCTTTCTT 1560  
20 TTGACTAAGT CTCTTTTCAA TTTCTCTGG CTTTATATTA ATGACTGTAG ATAATTTCTT 1620  
TGCAGTCTCT TTTTTATCAA CTACATGCCT AGGTTTTTTA GAATTGGCAC TCGCCTTTTT 1680  
ATCTATTACT GCAACAAGTT TATATCTTTC TACATCTTCT GCTAGCACTT TACCATKACG 1740  
25 ATCATATATC TTTCTCGTT CTGGTTGTTG TGCATTCTTA ACTAAATACT TTTCAATTGC 1800  
CTTCATGACT AAATCTTGAC CATTAGAATG TCCAGTAATC ATGATATATG AAATCTTAA 1860  
AACCAATATA AAAAAGAGCA GTCCGAATAA ACCAACAAGT AGGACTGCCC CTATTTTATT 1920  
30 TTTTTAATT TTAATTTT TGGTCGCCAT TACTA 1955

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 599:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
(A) LENGTH: 704 base pairs  
(B) TYPE: nucleic acid  
(C) STRANDEDNESS: double  
(D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 599:

TAGCAAGAGT AGGTGATAAC AGTTCTTTTA ACGTGTGTTG TGCTTGCTCA TTTCTGGCT 60  
45 CATTGTAGAC TAAATATAA TAAGCGTTT CAAATAAGTG CTTTTAGCA TTTAGTACAC 120  
CAGATTTATG ACTACCAGCC ATTGGATGAC CACTGACTAA ATGAATATTA TGCTTTAATA 180  
AATTGCATTC GTGTTGCTGT ATCATTGCTT TAGTACTACC AGTATCAGAA ACAATAACAC 240  
50 CAGGTTTAGT TGGCATATCT ATAAGCTCGC TAAGATATTT ATTTGTGATA GCAACAGGTG 300  
TTGCATAAAT AATTACATCG GCTTTTTTAA TAGCTTCACT ATAATTTAAA CATTTTTCAT 360



TATTAGTATT AGGGTTATGG TATTTTATAT TGCTAGCAAG ACTTCCACCA ATTAATCCAA 480  
 GCCCAACAAA TAAAACTGTT GTCATATAAA TCACCTTATT TCGAAATTTT CAGAATAATA 540  
 5 ACATTGTAAA TGAGCTGTTG ACACAGTGCA ATAGTAAATA AAAATCGATA ATAGCATTAA 600  
 TAGATAAACG GAGATAAATC ATCTACAATA AAGAGTATAG TAACACAATG GCAACGGAGG 660  
 10 GGTAATCAA TGAACCAAT ATTAGAAATG ATAAAAACAT TAAC 704

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 600:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1158 base pairs.  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 600:

CCTCTAAAGG ATCACGAACC TTTTTCATCG TGAATAAGCC TATAATACCC TTAAACCTAT 60  
 TATTATTAAC TTTTACCTCT GTGTATTCCC TATCAATTAG GCGACGCCAG TGACGTTTAT 120  
 25 CTATATACTT TACTTTCACA GTCACCAACT CCTTGTCTATT ATTATATAAA ACTACATAAA 180  
 TGATGTCATG TCATGATACA GTTTTATAGT TTTTGTTAAT CATATGAAAA TATTTATTAT 240  
 TATTTTACTA CAACTCGCTT CAATTTACTT AAAATAGACA ATATTAATTA GATAGTACAC 300  
 30 ACATTTCTTC ATAAAAGTGA TTTTCAAAA ATATAAATAA CACACTCTTA TCGTTTTCAA 360  
 AATCATTTAA TGCTATTTTC ATTAAAAACA GCTGAAGCAT CAAATCTATT CTGATTCAAT 420  
 CAAGAATACA TATAAAAATG AAGTGACTCA AAGGTTTATT AACAACTTC AAACCACTTC 480  
 35 ATTGATCACT TTTATTTTAA AGCATATTTT TCGATTACTG ATTTAAGATG CGGATATTGC 540  
 GTAATTAATT CAGATTGCTT AAACAATTCA AACTGCTTAA ACTCAAATGC CGGTTGACAC 600  
 ATACAACCTA CTAACTAAA AGTATTTGAT ATTTGATTG AAGAAGCAAA AATTGTTCTT 660  
 40 TTAGGCACTA CATATTGCAA TACATCTCCA TTTTGGATAT CAGTACCCAA TGTTGCAGTC 720  
 GTATATTCCC CATCCGGATT TATCATATGA ATTGTTAGAG AATCGCCAGC ATGATAGTAC 780  
 45 CATACTTCAT CAGCATCAAT TCGATGAAAA TCGGAAATAT TGTCATCTGT AAGTAAAAAA 840  
 TAAATACTAC TAAACGGCGC TCTGCGTCCA TCTTTCAATA CTTCTCGAAT TGTCTCTCTA 900  
 TAGAAACCAC CTTCAAGATG TGATTCAAGT TGCAATTcAT CaATCCATTG TTCTGCTGAT 960  
 50 TTCATTATT CAAATCCACA TTATGGAATA CGTTTTGTAC ATCTTCTAAA TCTTCTAATG 1020  
 CATCGATTAA TTTTCAAAAT GTTACTTGGT CCGCTTCAGA AAGTTCAATA TCTGTTTGAG 1080

GAACGACTGC AAATTGAT

1158

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 601:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 827 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 601:

TGATACTTAT	TTTTCAATAT	TATTTGGAAT	AAANTCTTnT	AATTGTGGTG	TGAAATAAAC	60
ACCGAAATTC	TTTTCAGATT	CATCTTTTcC	ACTACCTGCA	TATAAAATAC	CAATCAGTyC	120
ATGTTTAGAA	TTCAATACAG	GAGATCCTGA	ATTACCTGGT	TGTGCATACG	CATCAAATTC	180
CATAAACGTT	CCACTGATAT	GGTTAATCGT	TCCTGTCGAT	TCAAACATTT	TATATTTTGT	240
TTGTGCACCC	TTTGGATAAC	CAATAACAGA	AATTCTATCT	TTCACTTTTG	CTCCGTCTGC	300
AAATTTTGTA	TAACTAACGT	TCTTATTAAA	ATTCAAACCT	TCTGTACTTG	TTTCATGAAC	360
ATGAACTATC	GCAAGGTCTT	CTTTTCCGGG	ATATTCTACA	ATGTCCTTAA	CGTCGTAGTT	420
TCCTCCGCCT	TTACCTTTAC	TCGAATGATG	TGCTGATACT	CTATTTTTTA	AAATATCATT	480
ACTTTTAGCG	ATATGTTTGT	TAGTTACGAT	TGTATTTTTA	CCAACAAC TA	CACCAGTACC	540
ACCCACAAAT	GCTACCACTG	aATTGTATGG	TTCTTAGTT	GCATCGGTAA	TTTCTTTGAC	600
ATTCTTTTCT	GCTTTGGCAA	TTGAATGArG	CTGATTAGAA	ATATTTTCAG	CAAAACCAAG	660
AGATGTTAAA	ATAGTTAAAG	CAGTTAAACC	TTTAACCATT	ACATTTTAT	TCATATTTTA	720
CCTCCTTCCA	AATTTATTTT	nATAGTTAAT	GTATCTAGAT	ACACATTTAC	TATATACATT	780
TTAAATAAAA	ATATThATTA	AATATTAATT	AACCACTTAT	nAACGTT		827

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 602:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 796 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 602:

nGGnACGTAA	AGTATTTATG	TTAAATGGCA	nAAATATATG	AATGATGAGT	TACCTGGATT	60
ACCAATGTTC	CAAGGTAAAT	CGATAACTAT	TGTTAACGAT	AAAGTACGAA	ACTTAGACAT	120

CGACGATTTT GTCGAGGTTT ACTTATATGG GGGGATGTTA TGAATAATGT ATTGTTAGAG 240  
 GTTAAAGATT TAGAAACATC ATTAAAAATA AATAATGAAT GGTTAGCAAC TGTGAAAAT 300  
 5 ATTTCTTTTG AATTATCTAA AGGAGAAGTT TTGGGTATAG TAGGGGAATC TGGTTGCGGT 360  
 AAGTCCATAT TAAGTAAGTC AATTATTAAA TTATTACCAG AAAAGATATC TAAACTAAGT 420  
 10 AATGGAGAAG TTATATTTGA TGGTAAACGA ATCGATACGC TCAATGAGAA GCAATTGCTA 480  
 GATATTCGAG GAAATGATAT TGCTATGATT TTTCAAGAAC CTATGACTGC TTTAAATCCT 540  
 GTATTTACCA TAAAAAATCA ACTTGTGGAA TCTATAAAAT CACATAAAAA AATTTCTAAA 600  
 15 AAAGAAGCAA ATAAATTAGC AAAAGATTTA CTAaaaaaAG TTGGAATTGC TAGACAAGAT 660  
 GAAATATTAA ATAGCTATCC TCATCAATTA TCTGGTGGTA TGAGACAAAG AGTAATGATT 720  
 20 GCAATGGCCA TTTCATGTTT TCcTAAATTA TTAATTGCTG aTGAACCTAC AACAGCATTG 780  
 GATGTCACGA TTCAAG 796

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 603:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1618 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 603:

GGATGTGTTT ATCCCAAATT GaAAcAgAaA TTTATGATCA AAtGATGTGG ATTGGTTTTTA 60  
 35 AaCCATTCAa AATTaCCAAT ATTAmACAAG AATCTGAAGA CATTAAATCA TTTtACAGTT 120  
 GAAACTGAAG AATATGACTT TAGTGAATTT ACACCAGGCC AATACATCAC AGTTGATGTT 180  
 40 TCTAGTGATA AACTTCCATA TAGAGCTAAA CGTCACTATT CTATCGTATC AGGTGAAAAA 240  
 AACCATTTAA CTTTTGGCGT TAAACGTGAT GTCACAACAG AACATGAAGG CGAAGTTTCA 300  
 ACAATTTTAC ACGATGAGAT TAAAGAAGGC GATATGATTA ATTTAsTGCG CCTGTAGGTG 360  
 45 GATTCGTATT AGAGAATACG ACTGAACCAC AACTTTTCTT AGGTTcAGGT ATTGGTGTTA 420  
 CACCTTTAGT AGCTATGTAT GAAGCTGCCT CTGCCAAAGG TTAGATACA CAGATGGTTC 480  
 50 AAGTTGCTGA AAATGAACAA CATTtACCTT TCAAAGACAA CTTCAACAGT ATCGCAAGCC 540  
 ATCATGACAA CGCTAAATTA TATACACACT TAnAgATAAA CAAGGCTATA TTGGTGCTGA 600  
 AGAATTACAA GTATTTTTAG CAAATAAACC TGAAATTTAT ATCTGTGGTG GTACAAAATT 660  
 55 CTTACAaTCT ATGATCGAAG CACTTAAATC TTTAAATTAC GATATGGATC GCGTACACTA 720

ATATGAACT TAATCAACGT TACGTAAAAG TATTTCGATT ATATTTCGTA AGTATTGTTA 840  
 CTGCAAATAT TATTGTTAAA AATAATAATT TAATTAAAAC AtTGATACAA ACCATAGCCG 900  
 5 GGTACACGGT CTTTGCAGTT GGTTTGAAGT ATTTAACTAA ACGTAAAAAT AAATGACATC 960  
 TATACCAAAA CAGCTATGAC TTTACTTTGT CATGGCTGTT TTTTAATTGG GAGTAGGACA 1020  
 10 GAGATGATAT TTTTCGAAAA TTTATTTGGT CGTCCCACCA CAACATGCAT TGATGTATGC 1080  
 TCACTGAATT TCATAAGAAA GGAGTTCACA AGATGACCGT AGATATTGGA CGGATTTATG 1140  
 ACAATAAAGA TAATACCGAC GCTATTCGTA TCCTAGTCGA TAGAGTCTGG CCGAGAGGTA 1200  
 15 TTTCGAAAAG AACTGCTAAC CTAGATTATT GGTAAAAAGA CATTGCCCCT TCTACTGAGT 1260  
 TGGCACAATG GTTCCAACAT GATCCTAAC TTTTGGAGC TTTTAAAGAA AAATATGAAA 1320  
 AAGAATTACG TGATCAGGAT GCGCAAAAAG ATGCTTTTGA AAAATTAAAG GATATTGTAA 1380  
 20 ATCAGCATAA TCATGTTCTA TTGTTATATG CAGCAAAAGA TACTAAACAT AACCAAGCTG 1440  
 TAGTACTACA GCAGTTGCTC AATACTTAGT TATATATGTT TATCGTGAAT CACTATAAAT 1500  
 25 GTCGCTAACT TCATTTCTAA TATTTATTTT TAAAAAGCAT AATTACTACA ATTAATTGGA 1560  
 ACTTTAATAA TTAATAAAT TGGAACAATA TTTTACTTTA ACAAATAAA GTTTTAAA 1618

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 604:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2115 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 604:

ATTATAATGC AAATATTGAA GCATTTAAAA CAGTCGCTAA AGCAGTAGGC AAAGAGAAAG 60  
 40 AAGGCGAGAA GCGTCTGGAA AAGCATGATA AAATATTAGC GGAGATTAGA AAGAAAATTG 120  
 AACAGAGTAC GTTAAATCT GCATTTCAT TCGGTATCTC AAGAGCAGGT ATGTTTATTA 180  
 45 ATAATGAAGA TACATTTATG GGACAATTCT TAATTAAAAT GGGTATTCAA CCTGAAGtCA 240  
 mAAAArAmAA AACTACGCAT GTTGGTGAAC GCAAGGGTGG TCCTTATATA TATTTAAATA 300  
 ATGAAGAACT TGCCAATATC AATCCAAAAG TTATGATTTT AGCCACTGAC GGAAAAACGG 360  
 50 ACAAAAATAG AACGAAATTC ATTGATCCTG CAGTTTGGAA ATCATTAATA GCTGTGAAAG 420  
 ATAACAAAGT TTATGACGTT GACCGAAATA AGTGGTTGAA ATCAAGGGGG ATTATCGCAA 480  
 55 GTGAAAGTAT GGCAGAAGAT TTAGAAAAAA TTGCAGAAAA AGCAAAATAA AAATACAGCG 540

TGTGATGATT TACCTGAAAG TTTATTTGGA ATAAATTTAA TTACATAACC GACAAGGATT 660  
 GTTTTAACAG TTCTTTTAAT GAATTGGCGC ATCGTTACAT ACCTCATTTT TCTATATCTT 720  
 5 ACGAACTATA TACCCATTCA TATATGCTTT TTAACGTCA TTGTCACAAT TTAATTTTAA 780  
 GGAATATAA TATAACCATC TTTATCTGCT TTTTGTAGTA AAATGACAAA AATTGCATGT 840  
 ATTATTGAGA TGATGGTAGG GATACCTGTC CAGAAAAATA ATAAGTGAAA AAGACCTTGT 900  
 10 CCAAATTTAT CAGCATAAAA TTTATGATA CCTAACCTC CAAGAAATAA TGCAACmATA 960  
 ACATAAATGG CTTTATTGAC TTTCATTTGT AATCCTCCTT AACTATAATT CTACTTAAAT 1020  
 15 TCGTTGTGAA AACCAATATT TCTAACTTTA GAATTTTCAA ACTTTCTAAA ATTATAAGTA 1080  
 TATCTTTTAA AAATAAGCTA GAATTTCTAT ATAATAAATG TTAATAACGT AAAAGGGAAT 1140  
 GATGACATAG TGATACGTCA AGCAGCTCCA GAGGACCGAT TTGATATTGC GAAGTTAGTT 1200  
 20 TATATGGTTT GGGATGATAT GGAATTAGAA TTGGTAAAGC ATCTACCTAA AGACATGGTA 1260  
 TTAGATGCAA TTGAAAAAAG CTGTGTTGAT GCAACATATC GAACTTTTTA TCAGCATATT 1320  
 TTAGTTTATG AAGTAGAAAA TAAAGTAGCA GGTGTATTAA TTAGCTATAG TGGTGAAAT 1380  
 25 GAATTGAAAT ACGAAAAAGC ATGGGAACTA CTTGACTTGC CAGAAAAAAT AAAACAATAT 1440  
 GGCACGCCAT TACCTGTAAA AGAAGCTAAA GACGATGAGT ATTATATAGA AACAAATTGCG 1500  
 30 ACATTTGCAG CATATAGAGG TAGAGGCATC GCGACAAAGT TATTAACGTC ATTACTTGAA 1560  
 TCAAATACAC ATGTTAAATG GAGTTTGAAT TGCGATATTA ATAATGAAGC AGCATTAAAG 1620  
 TTATATAAAA AAGTAGGCTT TATATCTGAT GGACAGATTG AATTATACAA GCACATGTAT 1680  
 35 CATCATTTAA TTGTTAAATA AAATACTCGA CAGTTCGATG TAAGTCGATT GCCGAGTAGT 1740  
 ATCATTCTTCT ATTAAATGCC TGCAAATAAT GCACTAATAT AAATACCTAA TGCATATAAT 1800  
 AAACCGAAAA ATGTATTTGT TTTACCAGCA GCAGCCATTG CTGGCATCAT TGTAGGCGGT 1860  
 40 GTATCATTCT TCTTGAAACG TCTGATAACT TTAACAGGCA TTGGGAATGA TAACAACGCA 1920  
 AGTAAGTAAA ATAATGAGCC ACCAGGTTTA ATAATGATCG TAAGTACAAT AAAGGCATAA 1980  
 45 GCGATAAAGT ACATGATTGC CATAAATGTT AAAGAAGCAT TTTTACCTAA TAGAATGGGT 2040  
 AAAGTTTTGC GACCACTTGC TTTATCTTTG ACACGGTCGC GAATATTGTT AGCCATATTA 2100  
 ATTAAACCGA TAGTG 2115

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 605:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1003 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double



## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 605:

5	TATGTCTCAA ACTCAAATTA ATCAAATGTT CCAGCAGAAA AACATGTCTA CTGAATTAAA	60
	ACGTCGTTAT GCACAACGTT TATTACAGTT TCCACATGTA CACAATAAAG AATACTTGAA	120
	ATCTTATGCT AAAAACCCCTA AAGAAACTAA AGATAGTTAT ATTTCTGGTT TTAAAGAGAA	180
10	TCAATTGATT AAAATAGAAG CGATTAAATC ATTGTTTGCA ATGGATAAAT CTCCATTAGA	240
	ACATGTTAAA CCTGCTACAA AACCAGACGC TTCTTGGGAT GAGATGAAAC AAAAAGCAGT	300
	TGAAATTGGT AAAGCTGATA CTACATCGAA TAAATTTGGT ATTAGAGATC AATACTGGAA	360
15	ATTAATTCAA GAAAGTAAGC GTAAAGTTAG ACGTGACTAC GAATTCAATG TTAATTCTCC	420
	AGAATTCCAA GATTTAGAAT TACTTGTAAG AACAAATGCGT GCTGCTGGTG CAGATGTTCA	480
20	ATATGTAAGT ATTCCATCAA ACGGTGTATG GTATGACCAC ATTGGTATCG ATAAAGAACG	540
	TCGTCAAGCA GTTTATAAAA AAATCCATTG TACTGTTGTA GATAATGGTG GTAAAATTTA	600
	CGATATGACT GATAAAGATT ATGAAAAATA TGTTATCAGT GATGCCGTAC ACATCGGTTG	660
25	GAAAGGTtGG GTTTATATGG ATGAGCmAAT TGCgAAACAT ATGAAAGGTG AACCACAACC	720
	TGAAGTAGAT AAACCTAAAA nTTAAAATAC AAATAGCACA TAACTCAACG ATTTTGATTG	780
	AGCGTATGTG CTATTTTTTAT ATTTTAAATT TCATAGAATA GAATAGTAAT ATGTGCTTGG	840
30	ATATGTGGCA ATAATAAAAT AATTAATCAG ATAAaTAGTA TAAATAAACT TTCCCATCAG	900
	TCCAATTtGA CAGCGAAAAA AGACAGGTAA TAACTGATTA TAAATAATTC AGTATTCCTG	960
35	TCttTGTTGT TATTCATAAT ATGTTCTGTT AACTTAATAT CTT	1003

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 606:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- |    |                             |
|----|-----------------------------|
| 40 | (A) LENGTH: 1097 base pairs |
|    | (B) TYPE: nucleic acid      |
|    | (C) STRANDEDNESS: double    |
|    | (D) TOPOLOGY: linear        |

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 606:

45	GCTnTTATAT TTAAAAAATT TATTnGCGGA TAATTACCTT TATTAAATCC CACCCATTAG	60
50	GAwTaCGAGT AATAGGACTA ATACTGGAAT CACATAATGT AACATAACGT CCCTCCTTTA	120
	ACTTAATTTT AATTGTAATC AAATTTGACA ATAAGTCAAA mCATTAAATAC CTATGATArG	180
55	TATCATTTAT TAACATATGT ATCATATTTT TAATCTTGCG TAATTTTTTAT CGTTAACTAT	240

CTTTTGTCAT TTTAATTATG TTAAGATAAT AGTAGTTATA GAAGTTCAAT CTATAGGAGG 360  
 CATAGCATGG ATATTCCAAA AATCAGGACA TTTTAAATGT TTAATAACCA AGCTGAAGAA 420  
 5 GCTGTAAAC TATACACAAG CTTATTGAA GATAGTGAGA TTATAACAAT GGCTAAGTAT 480  
 GGTGAAAATG GACCTGGTGA TCCCGGGACT GTACAACACT CAATATTTAC ATTAAATGGA 540  
 10 CAAGTATTCA TGGCGATTGA TGCTAATAGT GGCACAGAAT TACCAATGAA TCCTGCGATT 600  
 TCATTATTG TTACAGTAAA AGATACTATT GAAATGGAAC GACTATTTAA TGGATTAAAA 660  
 GATGAAGGTG CCATTTTAAT GCCAAAAACG AATATGCCAC CATACAGAGA GTTTGCTTGG 720  
 15 GTTCAAGATA AGTTTGGAGT AAGTTTTCAA TTAGCATTAC CTGAGTAAAA GGATTGCGAC 780  
 AGCTTGGAAT GATAAAGAAA CACTTTTTCT TATGCATGCG TTTTACCTAT GTATTTCTAT 840  
 TTTAAGTACA CATTAGCATT TTAGTTTCGC TCATTTTAA AATCACAAAG ATAATTTGTA 900  
 20 ACTTAAATGA TGATACGTTA TTTAAAAACA CGATACTTCG TTCAATGAA CGCATTAAAT 960  
 AATAAATAAA CACCTCACCA TAAGAAAGGA CTACTTTCTT TTGTGAGGTG TTTatTTGTC 1020  
 25 GACAACTTGA TTATGATTGT TTCATTTTTT GAATAAGTTC ATAATCAGGT GTAGCATACA 1080  
 AAGTTTTTTG ATTGTCA 1097

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 607:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 2031 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 607:

GAGGTCTAGC ATGTCTCGTT CAAAAAATA CTTTACTTA TCTAGCTTAA TGATTATTTT 60  
 40 AAGCTTTTTT TTTAATACAA ATAACGTTTT CCTAAGTGA CTTTTTAATT CTTTATTA 120  
 ATTAATACTT TTCTGCAGTG TTATTAAGTC AATTGTACTA ATTTTGTCTA TAATTTTGC 180  
 45 AGATCGTTCA ATTAAATCAC TAAAGCCTGA TGCAGATTGG ATTAGAATTG CGAGTAAAG 240  
 TTGCGTTGG aTTATTCTAA TTGTTATTTT AGTACATATC TTTTCAATTG TTCGTACATT 300  
 CGGTTTTATT TAAAAAGTT AATATGTCAT TGTAGCCTTA ATACAAAACA ATACAATGTA 360  
 50 TCATGCTATA ATGAGTAAAA CAATTGATA ACGTTGTTGC GTATAAAAAA TATTAGATTT 420  
 TCGAAATCAT AACTATGCAT CTAATCGCTA TAGTTATACA ACAAGATATA ACATATAATG 480  
 55 AGGTTTGATA ATGCATCGAC AATTTTGTG GTCGCGTTGC CAAAACCTCT TTTTAAATT 540

	TTTAGGCGCT TTATTACGTT ACCTCATTTT TTTTCTGAAT ACTGACGGAG GTTTTCCAAT	660
	CGGAACACTG ATAGCCAATT TGA CTGGTGC CTTTGTAATG GGATTGCTAA CAGCCTTAAC	720
5	AATTGCATTT TTTTCAAACC ATCCGACCCT AAAAAAAGCT ATTACGACTG GTTTTCTTGG	780
	TGCTTTAAG ACTTTTTTCAA CATTTCAATT AGAATTAATA CATATGTTTG ATCATCAACA	840
10	ATTTATAACT TTACTACTAT ATGCTGTAAC AAGTTATGTC TTTGGTATTT TGTTATGTTA	900
	CGTCGGTATA AAAGTAGGTG GTGGTTTATC ATGATATCAA TCATTTTAGT CATGATTGGC	960
	GGCGGTTTTG GCGCAATTGC TAGAAGTGCC ATTACTGATT ATTTTAATCA TAAATTTACT	1020
15	TCAAAGTTAC CTATCGCAAC ATTGATAGTA AATCTAGTTG GTAGTTTTTT AATTGGATTA	1080
	ACTATAGGCT TATCAATTTT AATCTCATGG TTCCCTGCGT TCTTTGTTAC CGGTTTTTTT	1140
	GGTGCTTAA CAAGTTTCTC AACGTTAGCC AAAGAACTTA CACTAATGAT GAGCCAAAA	1200
20	TTTAATATTA ACCTTTTTCT CAATTATTCA CTTTACAAT TCATCATTTG ATTTATAGCT	1260
	TGTTATATTG GCTATCATAT TTAAAAATAA AATGCTTCAT TCAGCAAATA GGTAATTAC	1320
25	GACACCTTCC TGAACGAAGC ATTTTATAAT TTTCATGCAA ATTTTAAAGC ACCATATAAT	1380
	GCCTACCAAA TTTCAATAAT CTTTGTGTC GTTTAAATAA TGTGAATGTC AATAAATTCT	1440
	CCAACTAGT CGAAAATAAA GGGAGTGGGA CATAAATCCC TAAAAAACA GCAGTAAGAT	1500
30	AATTTTCAAT TAGAAAATAT CTTACTGCTG TTCTCTATTT ATACAATACT TCGTATTGAA	1560
	TGGCTTCGCT TTCCTAGGT GCCGTCTCAG CCTCGGCTTC GACTGGCACT GCTCCCTCAG	1620
	GAGTCTCGCC ATTAATACTA CGTATTAACA TGTAATTTTA CTTTACATA CTTTAAAAAA	1680
35	TAAGACACTT TGCCCAACTT AACTACCAA TAGAAACCTC TGTTAGAATT CCTCAAAATG	1740
	ATATTTGCG ATATGTTAAT GAAATTGTTG AAACGATACC TGATAGCGAA TTCGATGAAT	1800
40	TCAGACATCA TCGTGGCGCA ACATCCTATC ATCCAAAAAT GATGTTAAAA ATCATCTTAT	1860
	ATGCATATAC TCAATCTGTA TTTTCTGGTC GAAGAATAGA GAAATTACTT CATGACAGTA	1920
	TTCGAATGAT GTGGTTAGCT CAAAATCAAA CACCTTCTTA TAAACTATT AATCGTTTTA	1980
45	GAGTGAATCC TAATACTGAT GCGTTAATTG AATCTTTATT TATTCAGTTC C	2031

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 608:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 687 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

TCCCCGGGAA TCGAACCCGC GAnCTCCTGC GTGACATGCA GCGGTGTAA CCGCTACACT 60  
 ACGAGACCTA TTAnATTAAA AACTATGTAT TCGGGGAGGC GGATTGTAAC CACCGACCTT 120  
 5 CGGGTATGA GCCCGACGAG CTACCGAACT GCTCCATCCC GCGCTAATAT TATTTTGAAT 180  
 TACCTAATTA ATATACCATA ATCAAAAACC TAAAGTsrrG AACTTTTTGA ATTTAATTTA 240  
 AATGTTATCT CTAAATAAT TACTTAAATA TCGTAGCAAC ATGTTCTCTG TTGAACACAA 300  
 10 ATATTAGTAT ATTCATTTTT GTAGTGTACG TCAACGACAT TTTCAAAGTT TTTTGTGTAA 360  
 AAAAACGCTT CTTATTCCTT TTTATCATAT AAGTGTCTAA TAGTTGTCAT AAATAGTGkT 420  
 15 AAAGCATTTA AAAAGGTATA GGAGTTATAA AGTTTACAAC GCCTATACCT TCTGAAAAAG 480  
 AAATTATAAA AGCTTGTTAC ACCGCATATT CTTTCAGTCA GCGACTACCA ATATAACATT 540  
 GTAGCCCTAA GACATTGCTT GACGCCTCAn TTACAACAAT TTTTCAAAT CAGCAGCTAC 600  
 20 CTACTGACAC AACATAACAC AACCCnTACA CTAnCTATCG TGTCATGTAA TCTTGCATCC 660  
 GATCTTGCAA CGCTGTAAAT GTTTCGA 687

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 609:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 843 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 30 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 609:

35 GTGTTGAATA CTTTGACAAA ATGAAATCAT TTGTTCTTTC GTTTCAAATT TAAGTGTGTTG 60  
 AATTAAATCA GTTCGTTTTT CGTAGTACTT CGGCGTTGTG TTCATATTCA TTTTTTCTAA 120  
 AAATAAACTA GTAAACAATG CACCTTTAAG ACTCTGACTG ACAACGTGTG GTGCTAAAAA 180  
 40 GAAACCTTGA TACATTTCAA GCAATGCATT TAATGATGCA CCCGCTTCTT TACCAATACC 240  
 AGGTGCTGTC AATCTATAAC CACATCGTTC AATTAAATCT TTTCTACCAG CAATGTATCC 300  
 45 ACCAATCTTA GCTAAACCAC CGCCAGGGTT TTTAATTAAT GATCCTGCTA TTAAATCGGC 360  
 ACCACATTCT ATAGGTTTAC GTCTTTCAAC AAATTCCCCA TAACAGTTAT CCACAAATAT 420  
 TAAAATATTA GGATGCACGT TTTTCAACCT AGTAATTACC TTTCAATTT CATCTAGCGG 480  
 50 AATTGAAGGT CTTTGATCAT AGCCTTTTGA ACGTTGAATC GCTATTACTT TGGTGCCTC 540  
 AGAAACCCCa TCTAACACAC TTTCAATATC GATCTTACCT TCTTTAAGTG CAATATCTTT 600  
 55 ATACGATmCG CCATGCTCCA TTAACTTTT AATACCATTT CCGTTTACGC CAATGACTTC 660

ACTTTGTAAT GCAATAGTAA TCGCATGCGT ACCTGAAATA ATTTGCGGAC GAACAATTGC 780  
 ATCTTCTGCT TTAAATGCCT GCGCATATAT TTCTTAATTG AACGAATTTA GAACTAATCG 840  
 TAA 843

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 610:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 775 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 610:

GATTATTATA AACCGAATGA AACAAAAAAG TTTTACATA TTTTCAACAA CTTTATTTCA 60  
 ATAAAGCATC AAGTTGATCT AAAGTTTGAT TCATACCTTG TTCAACACCC ATGTTTATGA 120  
 CTTGTTGAGC GGCTTCTTTT GTTGAAATA CCGATGTTGA TGTCACTGTC GTTTTCGTTG 180  
 TATTGCTCTT GGAAATGAC AAAGTAATTT TCATGCTTGG CATTTTGTGA TCTTTTGCAC 240  
 CTTGAGGTGT CGCAAATGAG TCAATATATT CAATTAAATA TGGACGCTTA ACCGTTTTAT 300  
 ATTCTGCTAA TGTATAGCTG GTCATTGTAG GTGTTTTAAT CGCATAAAAT GCATCACCGC 360  
 CTGAAACAGC ATTAAAGCGA AACACTTTGG TACTAGCGTC TTTTGGATGA AACCATTTTT 420  
 CAAATAATGC TTTkGTCGTA TAGGCATCAA ACACCTTTTC AATCGGTGCT TCTATCGTTC 480  
 TTGAAAAAAT AATTTTATTA TCTTCAACTT TAATCGTCAT CTTCCCACTC CCTATCTTTT 540  
 ATATTTACTC ATCTTAACAT GCATTGAGTA ACATATGTGA CCAAATCATT TGTTATAAAC 600  
 TATAGTAATA TTAATCATT CTTCTGTnGA AATTGATAAC TACGAAATAA AAAACACACT 660  
 CTATTCAGCT ATTAACAGTT GAGTAGAGTG TGCAAACCTG TTGAATTAAT GCGCTAACAT 720  
 TTCTTCTTTG ATTTGGTCTT nATnTAATTT TGAAGGATAA TATGTTGGCC AGTTA 775

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 611:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 728 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 611:

ATCAAAATTT GATACTAAAG GGCTCACGCT ATTTTATGTA TTTATTGGAT TGATTATGTT 60

TGTGGCAATG TGTATTATTA AAGTAGAAAA ACATGTTTCT TCACCATTTT TACCTGTGGT 180  
 TGAATTTAAT CGTTCGATTA CTTTAGTTTT TATAACTGAC CTTCTAACAG CTATTTGTTT 240  
 5 AATGGGATTG AATTATATATA TTCCAGTCTA CCTTCAAGAA CAACTAGGAT TATCTCCATT 300  
 GCAAAGTGGG TTGGTTATTT TTCCTTTATC TGTAGCTTGG ATTACATTGA ATTTTAATTT 360  
 10 ACATCGAATT GAAGCAAAAC TATCAAGGAA AGTTATTTAC TTACTATCAT TTACATTGCT 420  
 ACTAGTAAGT AGTATTATCA TTTCAATTGG TATTAAATTG CCGGTACTTA TAGCATTGTG 480  
 GTTAATTTTG GCAGGATTAA GTTTTGGATA TATTTATACG AAAGATAGTG TGATTGTCCA 540  
 15 AGAGGAAACT AGCCCATTAC AAATGAAGAA AATGATGTCA TTTTATGGAT TAACTAAAAA 600  
 TCTTGGGGCA TCAATAGGTT CAACAATAAT GGGATATCTT TATGCGATAC AATCAGGAAT 660  
 CTTTGGTCCA AACTTACACA TTGTGTTAAG TGCTGTTGCT GTAATTAGCA TGGGCTTATn 720  
 20 GTTTTATG 728

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 612:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 913 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 612:

TATCAGAGCA AATAAGCAAG TTAGATAAAA AGATTCTGA CTTACAATTA ATTAGACGCT 60  
 35 CTGTATGTGA ATTTATTAAA GGACTCTCTC TAATAGATAC CAGCATTTTA AACAGACAC 120  
 TACAGTCACA ATATGATAAA GAAGCATCTA TAAAATATGG TCATACGAAA GCATATCAnT 180  
 40 CATTTATTAG ACGTAAAGAC AGCTTACAAT CGCAGGATAT CAGACATAAA TTGACAACTA 240  
 TCTTCAATAA ATTTAATCAT ATGTCTTTGA GTCATTATCC AATCCAAGAT TGTAGTGATC 300  
 TCGTATTTGA GTGGAAGGCA TTTATGAACA CTATCGCTGA TTTTGmTGAT GAAACATTAT 360  
 45 GCTGTATTGC TAAACATAT GAAGATGATA CGCGTTTCAA AGATTACTTT AATTCATATG 420  
 ATAATCAAAA TTTAGCATCA TACATTCAG AAGCTGTAA TTATTTTTTG AGCAATGTGA 480  
 ATAAGAGCGA CAATTTTTAA TCCTCATACA GATGCTACAA CACTGAATAC ACCAACTAA 540  
 50 ATAATTGTTT AAAGTAGAAA ACTAATCATT TATTCTCTAA ATCAATAACT ATATTAAAAG 600  
 TTATACCTTT GCAAAGCGAA TTAGTATAGG TTACCGAAAG GAGAAAGGAT TAGGTTCCAT 660  
 55 TCGATTTATA AAAAAATATA TTTGAAACA TACAAAAGCG CCAGAAGATA ATCATTTCCT 720

TCAATGCATA TTCAACTAGC TCAGGTTTAC TCTTTAAGCC AAGCTTTGTC ATAATATGCG 840  
 TCTTATGTGC TTCTACTGTT TTCACAGATA CAAATAATTT CTCTGCAATT tCTTTATTCC 900  
 5 CGTAACCTTT GGC 913

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 613:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 654 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 613:

ACAAGTGTG ATGTCATAGT AGCGTCAAWT GTGCTTTATT TCTGGGACAC ATTTAAATTT 60  
 20 TTCCACCCCA TTAAGTGGAG CTTAATCTTT ATTACAATTT TACTATTATT AAACATTTTT 120  
 TCTGTAAAAT CATTTGGAGA AACTGAGTTT TGGTTATCAT TGATTAAAGT GTTAAACAATT 180  
 25 ATCGTATTCG TTATTTTTGG CTTTTTAATG ATTTTCGGTA TCTTAGGTGG TCATACATAT 240  
 GGATTTGAAA ACTATACAAA AGGCCAAGCA CCGTTTGTG GTGGTATCTC TGGTTTCTTA 300  
 GCGGTATTAT TAGTCGCCGG ATTTTCGGTT GGTGGTACAG AAGTAGTAGC AGTAACTGCT 360  
 30 GGTGAATCAG ATGACCCTAA AAAGTCTATG CCTAAGGCAA TTAAACAAGT ATTTTGGCGT 420  
 ATTCTTTTAT TCTATGTCTT ATCAATTGCA GTAATTGGTG CAATTATTCC GTACACAGAT 480  
 CCATCATTAT TAAGAGCAAG TAGTTCAATA AGTCAAAGCC CATTTACAAT TGTATTGAT 540  
 35 AGAGTAGGCA TAGCCTTTGC AGCATCAGTA ATCAACGCGG TTATTTTAAAC TTCATTATTA 600  
 TCCGCTGCAA ATTCAGGTGT TTATACAACA GGCAGAATGT TGTATTCCTT AAGT 654

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 614:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 642 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 614:

TCGATCTTTA TTGATAATAA TTAAATTGTC GCCTTTAAAA TGTGATATTA ATCCTGCGGC 60  
 50 AGGnTGTACA ACGAGTGATG AACCTAGTAC AACAAAGGGTG TCAGCATGTT CAATTTTATT 120  
 55 TAATGCCCTT ATGATGGTAG GTTGATCTAA CATTTACCG TATAATACGA TGTCCGGTCC 180

ATAAGATTTA TGACATACAT TACAATAAAA ACGATTTAAC GTGCCATGTA ATTCATCAAC 300  
 ATGTTGACTT CCAGCGTCTG AGTGCAAACC ATCGATATTT TCGTGATGA CACCTAAAGA 360  
 5 TTGTTGATTA CGTTCTAATT TTGCAATCCA ATCATGAACG ATATTGGGCA TCGTATCGAC 420  
 AAATAGTAAG CGCTTATGGC AGAAATTGAT AAAACCTTCA GGATCATCTT CTAAATAATC 480  
 10 ACGGCTTAAC AAGTATTCTG GCGAAAGCCC ATCTTTTGaA ATTTTCATCAA ATAAGCCACC 540  
 CATTGaACGG AAATCTGGAA CGCCACTTGC GACAGATACA CCAGCACCTG TAAAAAATGT 600  
 AATACGATTG GAACTATCTA TAATATGTTT TAGTGTCTCT AA 642

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 615:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1210 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 615:

TTTCCCCnCC CCnCCAAATA TCCAANGGAA CTTTAATAGT CCAATTGGCA CAGTAAACT 60  
 ATGGCATTIT ATAAGTATAA TATATCTGTA ATTTATGGTC AATTAGTAAA TTGTTTTTTA 120  
 30 TTGAAACAT ATTTACATc AAAATCACAA AGACTTTTAG ATTTTGTCT AAAAATCTCT 180  
 TAATAATTTA TTTAATGAGA AGAGTTGCTT ATATAGTAAA TTGTGAAGCC GTTAAACAA 240  
 CGTTACAAAA CCTATATCTT TAATACGGAA CCATATGGTA TGAATCAAGG AATACTTAAA 300  
 35 CTAAAACTTC TCTATCAGAT TTATTGTGTG CGAAATCAAC AACTTTAATT GCTTGCCCTT 360  
 CATTTAATGG ATAATTGTCT TGCCTAATTT TAACTTTTAC AATTGACCT ATGAGTGATT 420  
 CGTCACCTTC AAATTGTACT TTCATATAAT TATCTGCATA TCCAACATA GTACCTTCTG 480  
 40 TGtCACCCCTG TTCCTCAGGA ATTACTTCAA GCACATCTTG ATCAAATTTA GACGCATATA 540  
 ACTTTCCGAG TTGATTGCTT AGCGTAATTA ACTTATGCAC CCGTTCATT TTAATTTCTT 600  
 45 CATCAATTG GTCATCCATT CTTGCAGCTG GCGTGCCAAT TCTAGGAGAA TAAGGGAAAA 660  
 CATGCAGTTC AGAGAACTTA TGCTTTACGA TAAATCATA TGTTTCTTGG AACTCAGCTT 720  
 CAGTTTCACC TGGGAAACCA ACAATTACAT CACTCGTAAY TGCCAAGTCT GGTAAAGCTT 780  
 50 TATGCAATTT TGTTAATCGT TCTGAAAATC TATCCATTGT ATACTTACGT CTCATACGTT 840  
 TTAATACTGT ATCTGAACCA GATTGTAATG GAATATGCAA ATGACGCACA ACTTTTGTG 900  
 AACGTTCTAA AACGTCAATT ACTTCATCTG TAAGTTGACT TGCTTCAATT GAAGAAATTC 960  
 55



CTTTTAAATC TTGACCATAT CCACCTGTAT GAATTCCTCGT CAATACAATT TCCTTATATC 1080  
 CTGAATTCAC TAGTTGCGTC GCTTGTTCAG CTACTTTTTTC CGGATCTCTT GAACGCATTA 1140  
 5 AGCCACGAGC CCATGGAATA ATACAGAATG TGCAGAAGTT GTTACAACCT TCTTGAATTT 1200  
 TTAATGACGC 1210

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 616:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 652 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 15 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 616:

20 TAATAAAATA CAATACTTTT CAATACAGAG AATCCCGCAA TGTCGGGATT CTTATTTATG 60  
 CTGATTTTGT TTTTGTCTAT GATCAGGGAC TTtCAGGGAC TCAATTAAATT ATCACATTCA 120  
 TATTTTCTTA TGACCAAATT GATACATATG ATGCTATTTA ATGAGAAAAT TAGGCATCAC 180  
 25 TTGGTTATTG AATTTCTTTC ATTAACTTT CCAGCTCAAT TTAATAGTTA GTCGACTATT 240  
 ATTCATTAAA CACTTTTTTAA TCATAAAAAA GTGTTTTTga TAATTCACTa CCaAAAAACAC 300  
 CTTCTTACTT ATAATTCTAT TTGTTACCA TTTCTAATCT TATCGGCTAA ATCATTCACT 360  
 TTTCTTAATC GGTGATTTAC ACCTGATTTT GAAATTGGAC CAGTTGATAC CATTCTCTCA 420  
 AGCTCTTCA ACGAAATTTT TTGATGTTCT ACTCGAATTC TAGCAATCTC TCTCAACCTG 480  
 35 TCTGGTAAAT TTTCAATACC AATTTCTTTA TCAATCAATT TAATGCTCTC AACTTGTTTT 540  
 ATCGCAGCAC TAACTGTTTT ATTTAGATTG GcCGTTTCAC AATTAACGAG TCGGTTAACA 600  
 GAATTACGCA TATCTCTTAC AATACGTACG TCTTCAAATT TTAATAACGC TT 652

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 617:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 798 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 45 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 617:

TrACCACTTT AAAATAGCGC TTAATAAAATG AAGGGGGCAA GTCTTATGAC GtTTTACaAT 60  
 TTCATCaTG GTTTTCAAAA TGtTAACACA CCATTTGGTA TATTGGCCGa ACACGTTAGT 120

TCTAATTACA CAGATCATCA ATTAATTGAA ACTACAAATA GAGCTATTAG CTTATATATG 240  
 GCAAATTAAT TTGAGTAGTA CCAATTATGA TGTATTAGTG CATCCCAAAT ATCTTTTGTT 300  
 5 TTAAAGTTTA TTTCATCATT TCTTATCGAA AATGGTGTA TAATGTCTTT ATCTAACCAA 360  
 GTGTTGATAA GTTCATTG G TACACCATCT AACAACATT CACTTTTACT AATTATAAAA 420  
 10 CATTCCAGT CAAGTGAAAC ATTTTGTGGA TTCACATAAT TACATTGATT ATGATTATCC 480  
 ATAAACACTC ACTCCTTTAA AATTCTGTAC TCTTCATTGC GTTTTACCCC GTCACATTAT 540  
 CTTTTAAACT AAAATCATCA TTACTTATGA AAAAAATGTA CATCAAAGC AAAGGTTTTC 600  
 15 GCTACCGAAA AAGTTTAAAT AATGGTtAA TATATtGGT ACTCATTTTA ATAAAAAGAG 660  
 AATACATTTT GAGCTATCAA TACTTTTTIAT TGAAGAGGTG TTATTsyTGG CTAAAACGTT 720  
 ATATTTAATG CGCCACGGAC AAACTTTGTT TAATTTTAAG GGACTAATTc AGGGATTG 780  
 20 AGATTGCGCG CTAACAGA 798

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 618:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 25 (A) LENGTH: 1786 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 618:

ATACGCTCAA TTGATAAAAA TTTAATATCT GCCATTGTA TACGCATCGC TTCGAATGTT 60  
 35 TCCGTTGCAA TATCAAATGA TAATTGTGAC TGGAACCTTA AACATCGAAT CATACGTAAA 120  
 GCATCTTCTT GGAATCGTTC CTCAGCTATA CCTACAGTTC TTATTATTG ATTATTAATA 180  
 40 TCTTGTTGAC CATCAAATA ATCATACAAT TTGTATGCTG TATCCATTGC TATCGCATT 240  
 ATCGTGAAAT CTCGTCGTTG CAAATCTTCG TATAAATCAC GAACAAATGT AACACCACTT 300  
 GGTCTACGGT GATCGACATA ATCTTCTTCA GCCCGGAATG TTGTCACCTC ATAATTTtCA 360  
 45 TCATTAAAaa CTACATTtAT CGTGCCAtGT yCTTnACCTA CAGGTATCGT ATGACTAAAG 420  
 ATAGATTCTA TTTCATCCG CGTTGCACTT GTTGATAT CTATATCATG AATATTTCTT 480  
 CCCATGACAT AATCTCTTAC AGAGCCACCT ACATAATATG CTTCAAACC ATTGCTCTGA 540  
 50 ATTTGTTCTA ATATAGGCCT TGCCTGTTCA AATAATGATT TATCCATATT ATTACTCGCC 600  
 TTTACTTTTG TTATGCTCAT TTAGCATTTT TTGATAATAA TACTCATATT GATCTGTAAT 660  
 55 AAGTTCTGAT CCAAACGTT CAGCAATATC TGCTAGCATG TTTTCTGAA GTTTGTTGTA 720

ATCTACGACA AATCCAGTTT CACCATGTTT AATAACCTCT TTAATTCCAC CGGCATTGGA 840  
 ACCAATTGGA ACGACGCCTG TwTTCATAGC CTCAAGTAAA GTTAGTCCAA AGCTTTCTTT 900  
 5 TTCACTTAAT AATAATACTA AGTCAGATAA TTGGTAAAAT TCACTTACGC AATCTTGTTT 960  
 CCTTAAAAAT AAAACATCCT CTCTACGTT TAACTCTTTC GTCAATTGAC GCATTGGCAC 1020  
 10 TAATTGAGGA CCATCTCCAA GTAAAATTAA TTTACTAGGT ATCTTTTCAC GTACTTTTGC 1080  
 AAATGTTTCT ATAATAGTAT CTATGCGTTT TACTTGTCTA AAATTCGATA CATGTATTAA 1140  
 CACTTTTTCA TCTGGTGCTA TACCAAATTG TGATTTTAAT GCTGTGTTAT GTTTAGTTGG 1200  
 15 AAATCATTTC TCACGTACAA AATTATAAAT CGGTATAAAT TCTTTGTTAG TTTCAATAAT 1260  
 TTCATGTGTT TCTGTGCTA AAGATTTACT CACACTTGTC ACAATATCAC TTTTTTCAAT 1320  
 GCCAAATTTC ATTGCACCTT GGAGTGAATG ATCATAGCCC AAAACAGTAA TATCAGTACC 1380  
 20 GTGTAGCGTT GTCATAATTT TTATATCTTT ACCTGACATC TCACGAGCTA AAATCCCACA 1440  
 AATTGCATGA GGTACAGCAT AGTGCATATG CAACAAATCA AGATCATATT CTTTAATAAC 1500  
 25 TTCAGCGATT TTAGTACTTA ACGTAATATC ATACGGTGGA TACTGAAATA CTGCATATTG 1560  
 ATTCACTTCA ACTTGATGAA AAATCATATT CGGTAATGGT TTTCTTATTC TAAACGGGAT 1620  
 ATTTGAAGTG ATAAAATGTA cTTCGTGACC TCGCTCTGCT AATTTAATTC CTAATTCTGT 1680  
 30 GGCAATAATT CCAGAACCAC CCATGGACGG GTAACATGTT ATACCTATCn TCATTGCTT 1740  
 GCCCATCCTT TCTTTCTATT TCTCnCTATG ATnCTCGATG CGTAGA 1786

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 619:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 844 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 619:

45 ACAGGTATGG ACTTnGCTCA AATGACACGA CATTATTTAT CAAGACCTAT TGCTATAATC 60  
 TTTTGGATCA TTGCAGAACT AGCAATTATC GCTACAGATA TTGCTGAGGT TATTGGTAGT 120  
 GCTATTGCTC TTAATCTCCT ATTAAACATA CCTTTAATCG TCGGTGCACT AATAACTGTA 180  
 50 CTTGATGTAT TTTTACTACT TTTTATAATG AAATATGGTT TTAGAAAAAT TGAAGCTATT 240  
 GTTGGTACAT TAATTTTCAC AGTGTTATTC ATCTTTATAT TTGAAGTCTA TATTTTCATCA 300  
 55 CCACAGTTGA ATGCTGTGTT AAATGGATTT ATACCACATA GTGAAATCAT TACAAATAAC 360

TTACATTTCAT CAATTGTACA ATCTAGAACA TACTCAAGAC ATAACAATGA AGAAAAAGCG 480  
 CAAGGaTTAA ATTTGCTACG ATAGATTGGA ACATTCAGTT ATCAATCGCA TTTGTAGTCA 540  
 5 ATTGCTTATT ATTAGTGTaTA GGAGCATCAC TATTTTkCAA CTCAAATGCT GACGATTTAG 600  
 GTGGTTTCTA TGATTTATAT CACGCCTTAA AAACCTGAACC TGTACTAGGT GCAACAATGG 660  
 10 GTGCAATCAT GAGTACATTA TTTGCAGTTG CATTATTAGC GTCAGGTCAA AATTCAACGA 720  
 TTACTGGTAC TTTAGCAGGA CAAATTGTAA TGGAAGGATT TTTAAGATTA CACATACCAA 780  
 ATTGGTTAAG ACGTTTAATT ACACGTTCTC TTGCTGTCAT TCCTGTTATC GTATGCTTAA 840  
 15 TCAT 844

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 620:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 574 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 620:

TGTATTGCAG TCATGCCATA AATTTTTTTGA ATAATAAACG GAGACGCAGA AATATAAGTA 60  
 30 AATAATATTA CAAATGTCAT ACCTTGGAAT GAGCATTGGT, AATACAAAAC GTGGCGTCTT 120  
 CAnTAATATT TTGAAGTTTT TAAACATTGT CTTTaaTCCA CTACTTGACT CACGATTGT 180  
 CACTGTTAAT GATTGAGTA CTTTTAATAA AGAACCTATG ACCATGACGA AGCCAAAGAT 240  
 35 AGTCAGAATG ACAAAGACCA TACGCCAGAC AGAATAATTT AAAATTATGC CCCCTATTGT 300  
 TGGCGCAACA ACTGGTGCAA TACCATTAAAC AAGCATCAAT AATGCCATAA ACTTAGTTAG 360  
 TTCATTACCA CTATACATAT CACTTGCTAT AGCTCTTGAA ATAACCTGCTG tGCGCCACCT 420  
 40 GTCACTCCTT GAAGaAATCT TAATGCAACC ATCAGCCAAA TATTATGTAC AAAACAATA 480  
 CCTAACTTG CTAATGTAAA AATAATCATA GCTATAATAA GCGGCTTTCT GCGCCAGTT 540  
 45 GAATCTGAAA TTGGACnAGC AACCAAATTA CCAA 574

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 621:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 523 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

AAGCAAGAGA GAGTACAACA TTTATATGAT ATTAAAGACT TACATCGATA CTACTCATCA 60  
 5 GAAAGTTTGT AATTCAGTAA TATTAGTGGT AAGGTTGAAA ATTATAACGG TTCTAACGTT 120  
 GTACGCTTTA ACCAAGAAAA TCAAAATCAC CAATTATTCT TATTAGGTAA AGATAAAGAG 180  
 AAATATAAAG AAGGCATTGA AGGCAAAGAT GTCTTTGTGG TAAAAGAATT AATTGATCCA 240  
 10 AACGGTAGAT TATCTACTGT TGGTGGTGTG ACTAAGAAAA ATAACAAATC TTCTGAAACT 300  
 AATACACATT TATTTGTAA TAAAGTGTAT GGCGGAAATT TAGATGCATC AATTGACTCA 360  
 TTTTCAATTA ATAAAGAAGA AGTTTCACTG AAAGAACTTG aTTTCAAAT TAGACAACAT 420  
 15 TTAGTTAAAA ATTATGGTTT ATATAAAGGT ACGACTAAAT ACGGTAAGaT CACTATCAAT 480  
 TTGAAAGATG GAGAAAAGCA AGAAATTGAT TTAGGTGATA AAT 523

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 622:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1871 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 622:

30 AGAAGTGTGA nAAAAATTTA AnAGAGATAT GCACATAGAT GACGCATTGC TATATCCAAG 60  
 CAATTGAGAA AGCTGCTGAT GCTCCAAATC aCGGAATGAG GGAACCATGG AGAGTTGTGC 120  
 ATGTTCCGAA AGACAGATTA GGAGATATGA GTAAGGATAT TTCTAAATTT GCATTTCCTA 180  
 35 ATGAATTAGA TAAGCAACAA TGTCAATTATG ATGCAGTTAC GAAACTAGGT GGCATGTTAT 240  
 TGCTTATTTT AAAAACAGAT CCAAGACAAC GTCAAAATGA TGAAACTAC TTTGCATTG 300  
 tGCATATGCA CAAAATCTTA TGTGTGTTACT TTATGAAGCG GGAATAGGTA CATGTTGGAA 360  
 aTCGCCATTA TATATCTATG ATCCTAAAGT AAGnAAACAC TTGGTATAAA GnAAGATGAA 420  
 GTTCTTGCTG GATTCTTATA TTTAACGGAT TTAGAAGnAG ATATGCCTAA AGCACCACGT 480  
 45 AAAAATAGAA ACTTAATTAC ATTATATTAA TATGTATAAT TATAGAAACA TTAATAAAAG 540  
 CTGAGTCATG AATTGATGGA CATCTATCGA GTTAGAGATT TAATCTAACT TACTAGAGTC 600  
 GGTACAATAA CAGTCTCAGC TTTTATTGT GCAGTATATA CACATTTTTA TTTTAGTATT 660  
 50 TATTTAAAAG TTtCTGCTaA AAATGATTCA ACTTGTTTCA GTGACTTAGC ATTTGCTGAA 720  
 TGAAGGTGTG CAATTTTATC GCCGTTTTTA AATACTAGCA AGCTAGGGAT ACCCATAACT 780  
 55 TCATTTTCAA CAACTACATC TTCTAATTCA TCACGATTAA CAGTATACCA TTGGTAATCA 840

CCTGCCTCAA ATTTAACAAT TACAGGTGTA TCGCTATTAA TTACAGATTT AAATGATTCA 960  
 TTACTTTTGA TTGATTGCAT TGTAACAACT CCTCTAGATA GTTTAATAAT TTTTATTATA 1020  
 5 GCTAAATTTA TATCATAATA AAAAATTTTA GCTTCAAAAT GAAAGCCTTT TGCTTTGGAA 1080  
 AATGATATAT TTATTTTAAA TACATAAAGG AGGTTGCAGT CGTATGATTA AATTTTACCA 1140  
 10 ATATAAGAAT TGTACAACCT GTAAAAAGGC AGCAAAGTTT TTAGATGAAT aTGGCGTAAG 1200  
 TTATGAACCA ATTGATATCG TTCAACATAC ACCTACAATA AATGAATTTA AAACAATAAT 1260  
 TGCAAATACA GGCGTAGAAA TTAATAAATT GTTTAATACA CACGGCGCGA AATATCGTGA 1320  
 15 GCTTGATTTG AAAAATAAAT TACAACTTT ATCAGATGAT GAAAAGTTAG AGTTGTTATC 1380  
 ATCTGATGGT ATGTTAGTAA AGCGTCTCT AGCAGTAATG GCGGATAAGA TAACATTAGG 1440  
 ATTTAAAGAA GATCAATATA AAGAGACTTG GTTAGCGTAA GTGaAATGTA AGCGTTTACT 1500  
 20 AAATATCTCG ATATTTAGAT TCATTACATG TAAATGAAA TAAGCTATAC AATTGTTAAT 1560  
 TTTTATAAAT ATAGTTGAAT AGCATCTAGC CTTATGGCAT CATTAAATGAT GTAAAGATTA 1620  
 25 ATTAGGAGGG GATTCTCTTG GCAGTACCAA ATGAAYTGAA ATATTCAAAA GAGCATGAAT 1680  
 GGGTTAAAGT TGAAGGTAAT GTAGCAATAA TTGGAATCAC AGAATACGCA CAAAGCGAGT 1740  
 TAGGTGATAT TGTTTTCGTT GAATTACCAG AAACAGATGA TGAAATTAAT GAAGGGGATA 1800  
 30 CGTTTGGTAG CGTAGAATCA GTTAAACTG TATCAGAATT ATATGCACCA ATCTCTGGTA 1860  
 AAGTAGTTNa A 1871

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 623:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 451 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 623:

TTGCTGTAGA AGATAAAGAG TCCCATCAAT GGATAGGCTT TATAGGTTTG AATTATATTC 60  
 CAGAAACAAG CGATTATCCA TTTAAAGAAT TACCGCTTTA TGAAATAGGT TGGCGCTTGT 120  
 TGCCAGAATT TTGGGGAAAA GGATTAGCAA CTGAAGGCGC AAAGGCAACA TTGAAGTTAG 180  
 50 CAGAAGAACA TCAATATAC GATGTCTATA GTTTTACAGC AGAAGCAAAT AAAGCTTCAC 240  
 AACGTGTAAT GGAAAAAATT GGCAATGACAG TGTATGATCA TTTCGAATTA CCCAATCTAA 300  
 55 GTAAGTATCA TTTATTaAAA AGGcAAGTGC GCTATTACAT TAATCTTCcG AAAGTGAAAA 360

ATTAGGGGGT GtTTnGtKtN ATTTTTTTAA n

451

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 624:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 665 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 624:

CGATAGTTAT CTAAAGCCAT TTTnGATTGT GTTATGAAAT CTAATGATGC GTGATAATTT 60  
 AATGCrACAT AACGrTaATA TAAAATATCA ATAGTGAACA TTTGAGCAAA TAATGAAGTT 120  
 GTTGCTCCCA TATGCATCTC ATTTTCATCA GTTTTCCCAT AAGTTAAAAC AATATTTGAT 180  
 GCCTGTGCTA CGGGATTATC CCTTGTACTA GTAATTGTAA TTATAGGTAT ATGGTAGTCA 240  
 TCAATAACTT TAACCATTGA TTGCATTCA CTTTGCCTAC CATTGTTAGT AATAAGAATA 300  
 aCACTGTCGT TCGAATTGTG AGTTGCTAAT AATGTAGCAA AAATATGTGT TTCTTGAACA 360  
 AGTTGAATAT TAAGACCTAT TCTTGATAAC TTTTGGTATA AGTCGGTAGC AACTACAAAA 420  
 GATGCGCCAA AACCATATAT AAAATCGTC TCAGAACGTT TTAAACAATG ACATATTTGA 480  
 TCAATAGTTT TATCATTTAA TTCGTTATTT GCATGATTAA GTGCGCGTGT AGTACGTGTA 540  
 TGGAGTTTAG TTCTTAAAGA TTCTGTGCTT TCGTTATTCA TTAATTCAAC ATTGTAAATT 600  
 GATGATGCTT TAGGAACATA TTTAGATATA TTTATTTTCA AGTCGTGAAA ACCGCCATCA 660  
 GTAAT 665

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 625:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 2549 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 625:

GATGCCAATT AACCGTGCAT ATAATGTTGA GAAGTTAATC GAAGCAATTC AATATTATCA 60  
 AGAAAAACA AATCGTCGTG TTACTTTTGA ATATGGTCTG TTTGGTGGTG TGAATGACCA 120  
 ACTAGAACAT GCAAGAGAAT TAGCACATTT AwTAAAAGGC TTAAACTGCC ATGTAACTT 180  
 AATTCCtGTC AACCATGTTT CAGAAAGAAA TTATGTGAAA ACGGCTAAAA ATGATATCTT 240

	TTCGGATATT GACGCAGCTT GTGGTCAATT AAGAGCAAAG GAACGACAAG TAGAAACGAG	360
	GTAAAGACAA ATGCTAGAGG CACAATTTTT TACTGATACT GGACAACATA GAGATAAGAA	420
5	TGAAGATGCG GGTGGTATTT TTTATAATCA AACTAATCAA CAACTTTTAG TTCTGTGTGA	480
	TGGTATGGGT GGCCATAAAG CAGGAGAAGT TGCAAGTAA TTTGTTACAG ATGAGTTGAA	540
	ATCyCGTTTT GAAGCGGAAA ATCTTATAGA ACAACATCAA GCTGAAAATT GGTTCGCTAA	600
10	TAATATAAAA GATATAAATT TTCAGTTATA TCACTATGCA CAAGAAAATG CAGAATATAA	660
	AGGTATGGGT ACAACATGTG TTTGTGCACT TGTTTTTGAA AAATCAGTTG TGATAGCAAA	720
15	TGTCGGTGAT TCTAGAGCCT ATGTTATTAA TAGTCGACAA ATTGAACAAA TTACTAGTGA	780
	TCACTCATTT GTTAATCATC TTGTTTTAAC GGGTCAAATT ACGCCGGAAG AAGCATTTAC	840
	ACATCCACAA CGTAATATTA TTACGAAGGT GATGGGCACA GATAAACGTG TGAGTCCAGA	900
20	TTTGTTTATT AAGCGATTAA ATTTTTATGA TTATTTATTA TTAAATTCAG ATGGATTAAC	960
	TGATTATGTT AAAGACAATG AAATTAAGCG TTTGTTAGTA AAAGAAGGTA CAATAGAAGA	1020
	TCATGGTGAT CAATTAATGC AATTGGCATT AGATAACCAT TCGAAAGATA ACGTTACTTT	1080
25	CATACTCGCG GCTATTGAAG GTGATAAAGT ATGATAGGTA AAATAATAAA TGAACGATAT	1140
	AAAATTGTAG ATAAGCTTGG CGCGGGTGGC ATGAGTACCG TTTATCTTGC TGAAGATACG	1200
	ATACTTAACA TTAAAGTTGC AATTAAGGCG ATTTTTATAC CACCTAGAGA AAAAGAAGAA	1260
30	ACATTAAAAC GTTTTGAACG AGAAGTACAT AACTCATCAC AGCTATCACA TCAAAATATA	1320
	GTAAGTATGA TCGATGTTGA TGAAGAAGAT GACTGTTACT ACTTAGTAAT GGAATATATC	1380
35	GAAGGTCCGA CTTTGTCTGA GTATATTGAA AGTCATGGGC CATTAGTGT TGACACAGCG	1440
	ATTAATTTTA CGAATCAAAT ATTGGATGGC ATTAACATG CGCATGATAT GCGTATTGTA	1500
	CATAGAGATA TTAAGCCACA AAATATATTA ATTGACAGCA ATAAAACGTT GAAAATATTT	1560
40	GATTTTGGAA TTGCTAAAGC TTTAAGTGAG ACGTCTTTAA CTCAGACTAA TCATGTGTTA	1620
	GGTACTGTGC AGTACTTTTC GCCAGAACAA GCAAAGGTG AGGCAACGGA TGAATGTACA	1680
	GATATTTATT CTATAGGIAT KGTGTTATAT GAAaTGCTTG TTGGTGAACC ACCCTTTAAT	1740
45	GGAGAACTG CAGTTAGCAT TGCGATTAAA CATATTCAGG ATTCTGTGCC AAATGTGACA	1800
	ACAGATGTAC GTAAGGATAT TCCGCAATCT TTAAGTAATG TCATTTTACG CGCTACAGAA	1860
50	AAAGACnAAG CGAATCGTTA CAAAACAATT CAAGAAATGA AAGATGATTT GAGTAGTGTT	1920
	TTACATGAAA ATCGAGCGAA TGAAGATGTC TATGAACTCG ATAAAATGAA AACGATAGCG	1980
55	GTACCTTTGA AAAAAGAAGA TCTAGCAAAG CATATTAGTG AACATAAGTC GAATCAACCT	2040



AGCCAGAAGG TACGGTGTAC GAACCAAAAC CTAAAAAGAA ATCAACACGA AAGATTGTGC 2160  
 TCTTATCACT AATCTTTTCG TTGTTAATGA TTGCACTTGT TTCTTTTGTG GCAATGGCAA 2220  
 5 TGTTTGGTAA TAAATACGAA GAGaCACCTG ATGTAATCGG GAAATCTGTA AAAGAAGCAG 2280  
 AGCAAATATT CAATAAAAAC AACCTGAAAT TGGGTAAAAT TTCTAGAAAGT TATAGTGATA 2340  
 AATATCCTGA AAATGAAATT ATTAAGACAA CTCCTAATAC TGGTGAACGT GTTGAACGTG 2400  
 10 GTGACAGTGT TGATGTTGTT ATATCAAAGG GCCCTGAAAA GGTAAAATG CCAAATGTCA 2460  
 TTGGTTTACC TAAGGAGGAA GCCTTGCAGA AATTAAAATC GTTAGGTCTT AAAGATGTTA 2520  
 15 CGATTGAAAA AGTATATAAT AATCAAGCG 2549

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 626:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- 20 (A) LENGTH: 2286 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 626:

TGCTTACTTC GCCTTCAATA CGTACTAATT CATGTCCACA ACTTGGACAA TGGGTTGGCA 60  
 TATGATATGT GACAGCATCC TCAGGTCTAC GTTCTGGAAT ACTACGTACA ACTTCAGGTA 120  
 30 TGATGTCACC TGCTTTTTTC ACTACAACAC TATCACCAAT TCGAATATCT CTGTCATGAA 180  
 TTAAATCCTC ATTGTGCAAA GATGCTCTTG aTACAGTTGT ACCAGCTACT TTTACTGGTT 240  
 35 CTAAATAGC AGTAGGTGTG ACTACACCTG TTCGTCCAAT ACTTAATTCA ATATCTAATA 300  
 ATTTAGTTAC TACTTCCTCA GCTGGAAATT TATAAGCAAT GGCCCATCTA GGAGATTTTT 360  
 GTGTGAATCC CATCTCATCC TGTGATCTA AATCATTAACT CTTAATAACA ATCCCATCAA 420  
 40 TATCATAAGG TAATGACTCT CTTTGGCTTG TCCATTTTTC AATATACTCT AAAACACCAT 480  
 CGATATTATT TACACGCGCT CTATTTTTAT TCGTTGTAAG ACCTAATTTA TCTAACTCAT 540  
 CTAATGCTTC ACTTTGCGAA CGCGCATTGA AATCAGTGAA ATCATTGACA CTATATATAA 600  
 45 ATACGCTTAG CTTTCGTTTT GCCGTTAATT TAGAATCTAA CTGTCTTAAT GATCCCGCAG 660  
 CAGCGTTTCT TGGATTnGCA AATAACTGCT CATCATTTTT TTCTTTTTCT TCATTTAATC 720  
 GTAAAAATGA ACGTCTCGGC ATATATGCTT CACCACGAAC TTCTACATTT AATGGtCTTT 780  
 50 TCATTTTCAA AGGTATCGCA TGAATTGTTT TTaAATTTTC GGTAATATCT TCACCTGTTG 840  
 TTCCATCACC ACGTGTTAAA CCTTGaACGA AGTATCCATC AACATATTTT AATGATACTG 900

GTTGGTCGAA TTTTCTCAAA TCATCCTCAT TAAATGCATT CCCTAAACTT AACATTGGCG 1020  
 TGTGATGGTT GACTTTATTG AAAGAGGCTT GGGCTTCACC GCCAACTCTA ACTGTTGGAG 1080  
 5 AATCTACAGT CTTATACTCA GGATGCTCCT CTTCTATTTT AATCAGTTCA TGAAGTAATT 1140  
 TGTGATATTC ACTATCTGGT ACAGATGGAT TATCCTCTAC ATAGTATTCA TAACTGTATT 1200  
 GATTTAATAA ATCATGTAAC TCGTTCACAC GAGACGATAA ATCAGCCATC CCTTAATCCT 1260  
 10 CCTTTTTTtC AATTGGTGCA AATTGCGCTA ACAAACGTTT TGGCCCTTGT GATTTAAAGA 1320  
 TAATATCTAG TTCGATTGAG CCATTTTCTT CGTTTACATT ACTCACCATG CCTTCTCCCC 1380  
 15 AGGCTTTATG CATCACTTTG TCACCTACAT TCCAATCAGA TGACAATACT TGTTTTTTTCG 1440  
 TTGACGTTGT TCGTTGACTA AATCCGCGTT TAGCAAAAGG TTTGCGCTTA GGTGTATCG 1500  
 TTTGTCGTTT GCCACTTGAA TGATTTTCTA ATAGTGATTG TGGAAATTTCC TTTAAAAATC 1560  
 20 TGGATGGCAT ATTTGACTGA GGGCGACCAA ATAACATTCT TGATGTCGCA TGAGTGATAT 1620  
 ATAACACCTC TTCAGCCCTT GTAATTGCTA CATAACAAAT ACGACGTTCT TCTTGCAATT 1680  
 CATGATCATC TTCACTCTTA ATCGCTCTAA TATGTGGGAA TAAAGATTCT TCCATCCCCA 1740  
 25 TTATAAAGAC AATTGGAAAT TCAAGGCCCT TAGCCGAGTG CATCGTCATT AGTGTTACGC 1800  
 CATTTTCAGT ATCTGCCTCA TCAATATCAG CTAATAACGA TAAATCCGTT AAAAAGTTAA 1860  
 TTAATGACTG TTCTTCTAAT GGGGTATTTT CCTCATAGTC TTTTGGTACT GACATAAATT 1920  
 30 CATCGATGTT TTCTAATCTA CTTCGAGATT CTAATGTATT TTCACGTTCA AGCATTTCTC 1980  
 GATAGCCAGA CTTTGTAAAT ACTTCATCAA CTATTTTCATG AATTTCTAAA AATTCTTGTT 2040  
 35 CTTTTATCAA GCTTTGGATT AACTCGTAAA AATTAAGACA CTCTGTGTC ACCTTTTTTG 2100  
 aCAATCCGAT AAAATCAGCT TCTCCAAGTG CATCAAACAT ACTGATATTG TTTTGAAGTG 2160  
 CATAGTTTTG AACTTTTCA ACAGATGAAG GACCTACACC TCTTTTGGGA ACATTaATAA 2220  
 40 TACGTTGCAA ACTAATGTCA TCATTACTAT TGGCAATTAT ACGCAAATAA CTTAATAAAT 2280  
 CTTTGA 2286

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 627:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 400 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 627:

	TGACATTAAA AGTTGGGTGA AnAAACAAGG CATACTTTAG TTAAGCTTGA TGAAAATAAC	120
	AATGGAATTA ATGCGATTAT TCAAAAAGAA AAAGCAAAAG ATTTAGATAT AAATTATTCT	180
5	GCTAAAGGTA CTACCAATTG TATTATTTAG TGGAGAATTA GACAAGCTGT AGCAGCGTTG	240
	ATTATTGCCA ATGGTGCTAG AGCTGCTGGA AAAGATGTAA CTACCTCCTT ACTTTTGGG	300
	GGCTTATGCC nTTAAAAAG TGCCACCGTT AATGTTAAAA GCAGTTGCCA AAATGTTTGA	360
10	TThATGTTGC CCCAAAAGAT TTACGATGCC CCTTCCCAA	400

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 628:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 453 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 628:

	AATAATTGG GCGCTnTTTG CGTCGGGATA TTATACCGCT TCCTTAATTG TTCAACATTG	60
25	TAATCACTGT TTTTCAATTG ATATTTTGCA GAGTAAATTG GTACTTCTGG GTTATATGAC	120
	ACTTCGTCCT CTTTATAGTT TTCCAATTCT TTGAAATTCC CGTATTGTAC AAAGAAGTTA	180
30	AATTCCTCGA TTTCTTTTTT TACTTTTTTCG TCATCGATTG GTTTTAATGG AATCATTTTA	240
	TTAKTTTCCA TTTTCACAGG ATATCTTTTT GTATGATTGT GTGTCATTCC ATCGCTATCT	300
	TCAACAACCT CTCTAACAAT ATAATGCCCT TTAGCCGTTT TAGTATTTCT GTTAATTTCT	360
35	AAACTGCTC CTCTGATTG CAGATTTTCT CCTTTTAATT GGATTTTCAT TTCAGATCTA	420
	ATTAGCCAAG TACCTTTATC ATCTTTTTTA AAT	453

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 629:

- (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1221 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 629:

	TCATATGCAT TTGCAAAATA AACGCCAGAA GCAAGGTTTA GAATTGGGCC GTCCGTTTTG	60
50	CTCAaTTCAC TTGcATTCAA TAATTCATGC TGATCATGAT CAATTGCTT ATCTAATTCT	120
	GCaATTTTCT TCATTTGCTT ATCTGATTG TTTCTTTTCG CCATCATTTG ATCAGGACGA	180

GCTAATGGTA CTAATACTTT ATCTCCATAT GTGTCAATAA AGTTATAAAA ATAATCATCT 300  
 GTTTTTGATA CAAATCCAGC ACGCTCTTCA GTTTCACGAT ATAAATCTAA GAAAAGATTG 360  
 5 AACTCATCAC GTTCAAGGAA TCTGACTTTA ACACCATAGT TTATCGCTTT ATTAATATTA 420  
 CGTTTACGTT GACTATCAAA TGTCTTTTTC AATGTTTCGG GTGTTTTTACC TTCAAGGTTT 480  
 10 AATACGCCCA TCCATCGTAC TTGGCTCGAT GTATCATACT CAGTTGTAAA GCCATGATGC 540  
 TCGTAACCAT GTGATTTAAA CAAGTTTACT AGGGCATCAT TTTTCTCGCG ACCTTCAAAT 600  
 GGCACGATAT CTTTATCATA TAGATGATAT AACCAATACG GATCTAATTT AACATATAAA 660  
 15 CATTGATGTT GCTGTAAATA TTTATCTAAC TCTTTTAAAT AATAATCAAC TAATCCTAAA 720  
 TCTGAAAAAT CCATTACTGG ACCACGATTC GAATAGTAAA CATAACTTCC CATAGTAGGA 780  
 ATTTTAGAGA AAAGGCTTGC TGCAATTACT TTGTTATTGT CGTCTTTAAT ACCTAATAAA 840  
 20 ACTACTTCAA AGCCATCATT CTCACGGGTA ACTATATTTT CTTTACTTG GAAATAATGA 900  
 CTTTCCAATG ATGGATTTTG TACAAAGTTG TCAAATTCGG TAACAGTTAA CTCTGTAAAT 960  
 TTCATGTTTT GATAATTCCT TCCTAAAAAA TTCTGTCTTT AACTTTTTTA AGTGCGGTAT 1020  
 25 ATGCTGCGTA AACAGGTTTA TTAATTGGTT TAATAAAGTC ACCAACATAT TCmATAATTT 1080  
 CAGCATTGTA ACCTTTTTTG AATTAACTA CACCAGCATC TTCAGCATCT TCTGTAAATT 1140  
 30 TrCCACTAAC ACCATAGAAA TTATAACGGT CAATGCATGA TTTAATGCAT AATTAATCAT 1200  
 TTCCCATTGC ACTGCATAAC T 1221

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 630:

- 35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:  
 (A) LENGTH: 1121 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 630:

45 TGGCCCAANT AACACAAGTA ATTGCTGCTA ATGGTAACAT CACAAAAAAT GAAATCGTAA 60  
 CTACAAATGT TAAACCTTGG AATACACCAA CCATTTCTGG TAATCGTTTA CTATAGTATC 120  
 TATTGTGAAT CCAAGTAATA ATAGCTGAAA TAATAATACC ACCTAGAATA TTCGTATCCA 180  
 50 ATGTGGCAAT ACCTGCAATT GATTTTAAAC CAGGTACATT TTCAACGCCT TTTTCTAAAT 240  
 TAGCGCCAAA CGTATGTGGC CATTGTGTTA AAATGGCATT TATAAATGTA TTAAACATTA 300  
 AGTAACCCAT CAATGCTGCA AGTGCTGCAT GACCTGGTGC TTTTTTAGCT AAAGAAAGTG 360

TTACTGACCA AAATTTAAAC CAAAACGTAT GTTGATCTGC TAAACTCCCC ATGATTGTAG 480  
 GATTTTTTAAA TAATGTCGCA AAGCCAAGCA CTATCCCAAA GAAAGCGAAC ATTAATACCG 540  
 5 GTACAATCAT TGCACTACCG AAACGCTTTA TCGCATTTCAT CTTCTATTCC CTCCATATCA 600  
 TCTTTCCTAA CAATACATCT AATTAGATTG ATTTATAAAT AGATGTCTTA CTATTTAAAT 660  
 ATAATATATA GTAAACGCTT ACACACCTAC AACGACATTG ACGTATTTTG AAAGTATTTT 720  
 10 GTATAATCAG ATTATCTTTT CATATAGTGA AAATTTTTTC ACGACCTTAT ATATGACATC 780  
 GTTGATTTTG TAATACATTC GTTTTAAACG CATAATCAAA CCTATATCAA TACACAAATA 840  
 TATATAATGA CATAACAAGAT TTTAATGTAA TAACGATCTA TTACACATTT ATTTTCAAGG 900  
 15 AGGTTGAATA TGTTTTTAGA TGAACACATT AATCGAACT TTGATAAACT TAATGATAAT 960  
 GATTTACATA TCGCTCACTT TATCAATACA CATATAGATG AATGTAAAAA TATGAAAATA 1020  
 20 CAAGATTTAG CGCAATTCAC ACATGCCTCG AATGCAACCA TTCACAGATT TACACGCAAA 1080  
 TnAGGTTTTG ACGGTnATAG TGGATTTAAA TCGTACCTTA A 1121

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 631:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 4005 base pairs  
 (B) TYPE: nucleic acid  
 (C) STRANDEDNESS: double  
 (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 631:

35 AACCTTCCAT TTTACTTGAT CGATAACATC AGTTCTGCTT TACAAATCTC TTCATTAATA 60  
 TGCCTCTTAA AACCATGAAA TTAAACATGT TCCGATAAAT GATAATCTTC TACAAGTTGT 120  
 CGATATTCTG ACAAACCATT TCCATGTCCA TAAATATTCA ATTGAATATT GGGATGTTTT 180  
 40 GTTACTAATT GCTTGATTAC TTCAATTGTA TGTTTAATTT GTTTATTTTC AACGAGGCGA 240  
 GCAATTGATA TGATATGATT TTTCTCCTTT TGATTGATGT CAAATTGATA CTTTAAATTT 300  
 GCCACGTAGC CAACCGGAAT ATTGATAACT GGTATTTTAT TTTCAATATA TTGTGAAATA 360  
 45 TCTTGGCATT GCTTTTCTGT TGATACAACA ATCGCTTTAT AACGTGTTAA ATTATTAAAC 420  
 ACTGTTTTAT AAAAATTTT TATACCATTA CCGGCACCGG ATAAATGTGT ACTATGGAGC 480  
 ACAACAATAA CTGGAATACT TTGATTTAAT CCCGCTATAA CATTCCTAA TTCATGAGGA 540  
 50 CGATCTAATA TGATTGATC ATTATTTTTA CATAATTGAT GGAGAAAATA TTGAACTAAT 600  
 TCATCTTCTG TATCAAAAAA TTGTTGATGC TGGTCTTCAT TTAAGATAAC CTTTGTGAGC 660

	TAGTAATTTT	CGAGTACAAT	CCGTTGTCCT	TCACCTAAAA	TCGAGAACA	ACTTAAAAAG	780
	CCTCTTCCAT	CATACAATTC	GCGTTTTACT	TTTCTTCTTT	TATGATCAAA	ATAATTCACA	840
5	TAATTTAATT	GATGATACTG	TTTATCTAAA	AAATGAGCAT	ACATTACAAA	TTGCTCTTCA	900
	TCATATATTC	TGACATCATT	TGAATTTTCC	ACAAATTTCA	ATGTGTACCT	ACATGACTTT	960
10	TCCCAATACT	GTATCCAGTT	AAC TTGCTTT	GTCTTTTTAT	AATTGATTGC	TTTTTGAAAA	1020
	TAGTCATACA	TTGTAAATAC	ATCATTTTCA	ATCTGATGTT	GCTTCGCATA	TGTGTATGAA	1080
	TAAGGATTCC	ATTTAACATA	TACACATTTT	GAAGATATGC	CGTGTGTGTT	GAACAACCTC	1140
15	AATCTATTTA	TTTGCGCTTT	TTCTACACCT	GTAATTTTAC	TTTCTAAAAAT	TGTTCCCTAAA	1200
	ATGTAATTCA	TATTATCGCC	TCATATAAGT	TTTATTCCGT	ATCTTTATTG	TTTATTTTAT	1260
	ATGAAAAATA	CATCTATTGC	ATGTGTAATT	ATAAAAAAAC	CAGGCCACAA	GGACCTGGGT	1320
20	CATATTGTAT	TATTTGTTTT	GT'TTTTTCG	ACGACCGAAT	AACAATAATG	AACCTAATGC	1380
	TGCAAATAAT	CCACCAAATA	ACGTTGCGTT	ATTTGAGCCG	TTATTTTCAC	TACCTGTTTC	1440
25	TGGTAATGCT	TTTGCTTTAT	TGTGATGGTC	TTTAGTAGTA	CTCATTGGTT	TAACAGGTGT	1500
	ATGTTTTTCCT	GCATCCGAGT	CTGAATCGCT	GTCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	1560
	ATCAGAGTCT	GAGTCGCTGT	CCGAATCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1620
30	ATCTGAATCA	CTGTCTGAGT	CTGAGTCGCT	ATCTGAGTCT	GAATCGCTGT	CTGAATCTGA	1680
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAGT	CCGAATCGCT	1740
	ATCTGAATCT	GAGTCGCTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	1800
35	GTCCGAATCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	GTCTGAGTCT	GAATCGCTAT	CTGAATCTGA	1860
	GTCGCTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCCGA	ATCTGAGTCG	CTATCTGAAT	CTGAGTCGCT	1920
	GTCTGAATCT	GAATCACTGT	CTGAGTCTGA	GTCGCTGTCT	GAGTCTGAGT	CGCTGTCTGA	1980
40	GTCACTATCT	GAGTCTGAAT	CGCTGTCTGA	TGTATCTTCT	TCGAAGTATC	CGTTATCAAG	2040
	TGTGAAATCA	TCATGATCCG	TAATTGTTAC	GTCAACTTCG	CCACCATCTG	CATCTTTATC	2100
	ATCTTCAGTT	GTATTTGTAA	CTGTTTGTGT	TAAGCCAGCA	GGCTTTTCAA	AAATAACTTT	2160
45	GTATTTACCG	CTATCTAAAT	TATCAAAGCA	GTATTTACCA	TTTTCATCTG	TTTTAGTTGT	2220
	TCCAATTACT	TCGCCTTTTT	CATTTAATAA	AGTAACTTTA	ACATCTTTGA	TACCTTTTTTC	2280
50	AGTTGAATCT	TGTTTGCCGT	CTTTATTACT	GTCGTACCAA	ACATAATCAC	CTAAACTATA	2340
	TTTTGGTGTT	TTATAGAAAC	CACTGTCTAA	TGTCATGTTA	TCTGCATCTT	TAATGACACC	2400
55	TGTTGTTGTT	AAACCATTAG	AATCTTTTTTC	AGTATCATTT	CCAGAAGTTA	CTGAAGTTGG	2460

	TTGATATTTA CCATTTTCAT CTGTTGTAAC TGTITTTAAA ACTTTGTCGT TTTCATCTTT	2580
	TAACGTAAC TTTACACCTG AAATGCCCTT TTCATCTTTA TCTTGAACAC CGTTTTTATT	2640
5	TGTATCTTCC CATA CATAGT CACCTAAGTT GTAAGTCGGT TTGTAGAAAC CAGAGTCAAT	2700
	AGTATCGTTA TCTTTATCTT TAATGACACC TGTGTGTGAT GTACCATTTG AATCTATAACC	2760
10	TTTATCAGTT CCTGAACCTA CTTGTGTGG TGTGTAACCT GATGGTGTTT CGAATTCAAC	2820
	TTTATAAGTT CCATTTTCTA ATCCAGTAAA TTGATATTTA CCATCTTTAT CTGTTTTAGT	2880
	TGTTTGTAAC ACTTCACCGT TTTTATTTTT CAATGTAAC GTTACGCCGT AAATACCTTT	2940
15	TTCAGTTGAA TCCTGCTTAC CATCTTTATT TGTATCTTCC CATA CATAAT TACCTAAATT	3000
	ATATTTTGGT GTTTTGTTAGA ATCCACTATC TAATGTCATG TTATCAGCAC CATTAAATAAC	3060
	ACCTGTTGTT GTTAAACCAT TAGAGTCTTT TTCAATGTCG CTACCAGATG TTAGTGTAGT	3120
20	CGGTGTATAG CCTTCTGGTG TAGTAAATTC AACTTTTATAA TTACCATTAT CTAAATCAGT	3180
	AAATTTATAT TTGCCATCAG CGTCTGTTGT AACTGTTTTT AaCagTTACC GTTTTCATCT	3240
	TTTAATGTTA CCGTTACGCC AGATATACCT TTTTCATCTT GGTCTTGGAT ACCATTTTTA	3300
25	TTTGTATCTT CCCAGACATA GTCACCTAAG TTGTATTTAG GTTTGTAAAT ACCTAAGTCT	3360
	GCAGATAAGT TATCTTTGCC ATTAAGTGA ATAAGTGAAG ATAAGCCGTT TGAATCTAAT	3420
30	TCTTCGTTAT TACCTTGTTT TGAAGGGGTT ACTTCATAAC CTTTGGTAA GTTTGAAAAT	3480
	TCTACACGGT AATCTCCATT AGGTAAGTTT GGAATCAAGT ATGACCCATC TTCTTTAGTA	3540
	ACTGCTTCTC CTACTTTTGT ATTTGTATTA TTATCAAATA CAGTTACAGT TACATTGCCA	3600
35	ACGCCTTTTT CTCCTAATTC TTGAACACCG TTTTATTAG TATCTTCCCA TACGTAGTTA	3660
	CCAATTTTAT ATACTTCTTG ACCAGctCCG CCACTTTGGT TATTAGTAAA TCCTAAAGCA	3720
	TTGCCAGTAG AAACGGATTT ATTACCTGTT GAAGATAAAG TAGCCATTTG AACAAAGTGT	3780
40	GGGCTTTCGC TATTTGTATA TTGGAATTTT GTATTAACCA TTACAACATA AGCAGAATCT	3840
	GCATTTCCAA AATCAATAAC AGCGCTATTG TtGTCGCCAT ATGTAATTTT CTGCAAGTAT	3900
	TGATTTGTTA CATCTGTAAG CTCTTTAGTA TTCACATCGT ATCCTTTATT TAATGTATAA	3960
45	CCTTTAGGAA CTGATATAT TTTTATATCT GTTACATCTT TATTT	4005

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 632:

- (1) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
- (A) LENGTH: 1440 base pairs
  - (B) TYPE: nucleic acid
  - (C) STRANDEDNESS: double
  - (D) TOPOLOGY: linear

## (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 632:

5	TATTAGGTTA CTCTAGTTTC CAAAGCGGGA ATTTTAATGT TATTAACAGC AAGGACAGCA	60
	AAAGCAATAT CGGCGCATTG ATTGAAAATC CAGGAATATA TCCTTTTATG TCTGGATATG	120
	AAAACCTGAA GTTATTGAAT GAATCAAAAA ACACTCAAGA TATCGATAAA ATTGTCTCAC	180
10	AACITCATAT GGATGAATAC ATTCATAAAA AAGCTAAAAC GTATTCTCTT GGTATGAAAC	240
	AAAAATTAGG AATTGCTATA GCATTTTTTAA ATAAACCTCA ATTCATTATC TTAGATGAAC	300
	CAATGAATGG CTTAGATCCA AAAGCTGTGC GAGATGTACG TGAATTGATT GTCCAAAAAG	360
15	CGCAAGAAGG TGTTACTTTC TTAATTTTCA GTCATATTTT AAGTGAATTA GTTAAAATCA	420
	CAAACCTCTAT CCTTATTATT AACAAAGGTA AAATTGTTAC AGAAACATCG GAAGAAGAAC	480
	TTAAACAATT TAAAGATAAT GATTTAGAAA ATGTATTACT AGAAATCATA GAAAGGGAGG	540
20	ACCAAGCATA AAATGGGAAC TTTAATTAAA CAAGAATGTT TCAAATTATT TAAAAAGAAA	600
	TCAACTTTTA TCGCACCTAT TGTCTTTTATT CTAATAATGG TTGCTCAAGG TTATATTGCT	660
	ACAAAATACA ATGAAATTTT TACGCCACAG GAATCTTTCA CATCTGCTTA TAATGGTTTT	720
25	TCATGGTTTG CATTTTATT AATTATTCAA GCAAGTACAA TCATTTCAAT GGAATTTTCA	780
	TACGGTACGA TTAAAAATTT ACTCTATCGT GAATATTCAA GAACAACTAT GATTGTTAGC	840
30	AAAATCATCA CATTATTAT TATTTCTTTA ATTTATTTTG TTATTACAAT TATTGCTTCA	900
	ATTGTTATTG GGTCTTTATT CTTAATGAT TTAAATATAT TTGAAAGTAG CGGTAATCAA	960
	TTATCTTTAT TGAATCAATT ATTATTAGTT AGTTTAGGCA CATTTGTTGG CGTTTGTTA	1020
35	GTTTTAAGCT TAACGTTGCT ATTATCATCT GCAACAAATT CAACGGGAGT AGCCATTGCT	1080
	GTAGGTATTG TTTTTTATTT TGCAAGTTCT ATTTTAGCAG TTATTCAAAC GGCACTTTTA	1140
	GAAAAAATAG ACTGGCTAAA GTGGAATCCT ATTAATATGA TGAATATTAT GCTTCAAACA	1200
40	GTTGAAAAAG GCTTTAGTAA GTCGACAAAA TTAGAACTTC ATGAATTGTT TATTGGTAAT	1260
	ATTGCTTATA TTTCTATTTT CTTAATACTT GTAGTATTTA TTTCAAGAA GAAAAATATT	1320
	TAGTAACTTA AAGTATTAAA TGTCTAAATA CACACATATT CCATCGTAAT TCAAAATCAT	1380
45	TTTCAAATCC CTTACCCCAA ATAATGGTGC GGGGATTTTT TCATCCAAAT TTTGGAAT	1440

## (2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 633:

## (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 1323 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: double
- (D) TOPOLOGY: linear